

(12) DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITÉ DE COOPÉRATION
EN MATIÈRE DE BREVETS (PCT)

(19) Organisation Mondiale de la Propriété
Intellectuelle
Bureau international



(43) Date de la publication internationale
17 octobre 2002 (17.10.2002)

PCT

(10) Numéro de publication internationale
WO 02/081511 A1

(51) Classification internationale des brevets⁷ :
C07K 14/18, 16/10, A61K 39/00

(21) Numéro de la demande internationale :
PCT/FR02/01168

(22) Date de dépôt international : 4 avril 2002 (04.04.2002)

(25) Langue de dépôt : français

(26) Langue de publication : français

(30) Données relatives à la priorité :
01/04599 4 avril 2001 (04.04.2001) FR
01/11525 6 septembre 2001 (06.09.2001) FR

(71) Déposants (pour tous les États désignés sauf US) : **INSTITUT PASTEUR** [FR/FR]; 28 rue du Docteur Roux, F-75724 Paris Cedex 15 (FR). **KIMRON VETERINARY INSTITUTE** [IL/IL]; P.O.B. 12, 50250 Beit Dagan (IL).

(72) Inventeurs; et

(75) Inventeurs/Déposants (pour US seulement) : **DESPRES, Philippe** [FR/FR]; 18 place de la liberté, F-92250 La Garenne-colombes (FR). **DEUBEL, Vincent** [FR/FR]; 29 bd du Lycée, F-92000 Vanves (FR). **GUENET, Jean-Louis** [FR/FR]; 4, rue de l'Ecuyer, F-91160 Longjumeau (FR). **DROUET, Marie-Thérèse** [FR/FR]; Institut Pasteur, 28 Rue Du Docteur Roux, F-75724 Paris Cedex 15 (FR). **MALKINSON, Mertyn** [IL/IL]; Kimron Veterinary Institute, P.O.B. 12, 50250 Beit Dagan (IL). **BANET, Caroline** [FR/IL]; Kimron Veterinary Institute, P.O.B. 12, 50250 Beit Dagan (IL). **FRENKIEL, Marie-Pascale** [FR/FR]; 15, rue Chapital, F-92300 Levallois (FR). **COURAGEOT, Marie-Pierre** [FR/FR]; 7, rue Ferdinand Fabre, F-75015

Paris (FR). **COULIBALY, Fasséli** [FR/FR]; 12, rue Roli, F-75014 Paris (FR). **CATTEAU, Adeline** [FR/FR]; Chez M. Boni, 18, rue des Cailles, F-91600 Savigny Sur Orge (FR). **FLAMAND, Marie** [FR/FR]; 20, rue Philibert Lucot, F-75013 Paris (FR). **WEBER, Patrick** [FR/FR]; 2 square Lénine, TH2-70, F-93170 Montreuil (FR). **CECCALDI, Pierre-Emmanuel** [FR/FR]; 27, rue Latour Maubourg, F-77350 Boissise-la-bertrand (FR).

(74) Mandataires : **CABINET ORES** etc.; 6 avenue de Mes-sine, F-75008 Paris (FR).

(81) États désignés (national) : AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EC, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NO, NZ, OM, PH, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZM, ZW.

(84) États désignés (régional) : brevet ARIPO (GH, GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), brevet eurasien (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), brevet européen (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE, TR), brevet OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

Publiée :

— avec rapport de recherche internationale

En ce qui concerne les codes à deux lettres et autres abréviations, se référer aux "Notes explicatives relatives aux codes et abréviations" figurant au début de chaque numéro ordinaire de la Gazette du PCT.

WO 02/081511 A1

(54) Title: **NEUROVIRULENT STRAIN OF THE WEST NILE VIRUS AND APPLICATIONS THEREOF**

(54) Titre : **SOUCHE NEUROVIRULENTE DU VIRUS WEST-NILE ET SES APPLICATIONS**

(57) Abstract: The invention relates to a neuroinvasive and neurovirulent strain of the West Nile virus, known as IS-98-ST1, nucleic acid molecules originating from the genome thereof, proteins and peptides coded by said nucleic acid molecules. The invention also relates to the applications of same.

(57) Abrégé : Souche neuroinvasive et neurovirulente du virus West-Nile, dénommée IS-98-ST1, molécules d'acide nucléique issues de son génome, protéines et peptides codés par lesdites molécules d'acide nucléique ainsi que leurs applications.

SOUCHE NEUROVIRULENTE DU VIRUS WEST-NILE ET SES APPLICATIONS

La présente invention est relative à une souche neuroinvasive et neurovirulente du virus West-Nile, dénommée IS-98-ST1, à des molécules d'acide nucléique issues de son génome, aux protéines et peptides codés par lesdites molécules d'acide nucléique ainsi qu'à leurs applications.

La présente invention concerne également tous variants de la souche virale IS-98-ST1 ayant au moins une mutation dans la séquence nucléique correspondant à NS5.

La famille des *Flaviviridae* regroupe les virus du genre flavivirus responsables de pathologies humaines graves telles que la dengue, la fièvre jaune, les encéphalites transmises par les tiques, l'encéphalite japonaise, l'encéphalite à West-Nile et les virus des hépatites C et G. Si les flavivirus sont susceptibles de provoquer une morbidité et une mortalité importantes chez l'homme, l'infection est généralement asymptomatique et seule une fraction des individus infectés développent une maladie grave.

Les flavivirus sont des petits virus enveloppés. Leur génome est une molécule d'ARN monocaténaire de polarité positive d'environ 11 000 bases. L'ARN génomique est associé à plusieurs copies de la protéine de capsid C pour former la nucléocapside; elle est entourée d'une enveloppe virale constituée d'une double couche lipidique issue des membranes du réticulum endoplasmique (RE) dans lesquelles sont ancrées la protéine d'enveloppe E et la protéine de membrane M. L'ARN génomique des flavivirus contient un unique cadre de lecture ouvert d'environ 10500 nucléotides flanqué de deux courtes régions non codantes à ses extrémités 5' et 3'. Le génome est traduit en une polyprotéine d'environ 3400 acides aminés qui est le précurseur des protéines structurales C, prM (le précurseur intracellulaire de M) et E dans sa partie N-terminale et d'au moins sept protéines non structurales (NS) de NS1 à NS5 dans sa partie C-terminale.

Jusque très récemment, le virus West-Nile était reconnu comme un virus peu pathogène, responsable d'un syndrome grippal et présent en Afrique, en

Europe du Sud et au Moyen Orient ; il a été isolé au cours d'épidémies, survenues notamment en Israël dans les années 1950 et en Afrique du Sud dans les années 1970.

Très récemment, l'épidémiologie du virus West-Nile s'est modifiée et un nombre croissant de cas d'encéphalites a été observé aux cours des épidémies
5 survenues en Roumanie en 1996, en Israël en 1998 et aux USA en 1999.

Des souches pathogènes ont été isolées lors de ces épidémies (Anderson et al., et Lanciotti et al., Science, 1999, 286 : 2331-2333, 2333-2337), en particulier la souche NY1999 (GenBank n°AF202541, Lanciotti et al., précité), dont la pathogénicité serait corrélée à la présence d'un site de glycosylation NTS dans la
10 protéine d'enveloppe E (Jordan et al., Viral Immunol., 2000, 13, 4 : 435-446).

Des facteurs viraux mal identifiés pourraient être responsables de la gravité de l'infection, alors que la constitution génétique de l'hôte (humain ou non-humain) contribuerait à la résistance à l'infection.

Toutefois, les données relatives à ces souches pathogènes récemment
15 isolées n'ont pas permis de déterminer tous les facteurs viraux et les gènes de l'hôte impliqués dans la sensibilité/résistance à l'infection par les *Flaviviridae*.

Des modèles murins ont permis d'établir l'existence d'une résistance génétique à l'infection par les flavivirus. Il a été montré que certaines lignées de souris récemment dérivées de l'état sauvage et appartenant aux espèces *Mus musculus*
20 *musculus* ou *Mus spretus* (Det, BSVR, BRVR, PRI, CASA/Rk et CAST/Ei) sont résistantes à l'infection par les flavivirus, alors que les lignées consanguines de laboratoire les plus courantes qui dérivent majoritairement de l'espèce *Mus musculus domesticus*, n'y résistent pas (Sangster et al., J.Virol., 1993, 67 : 340-347).

La résistance est contrôlée par au moins un locus autosomal
25 dénommé *Flv*, localisé sur le chromosome 5, chez la souris et trois allèles *Flv^f*, *Flv^r* et *Flv^{mr}* confèrent respectivement la sensibilité, la résistance et la résistance intermédiaire à l'infection par les flavivirus. En utilisant une souche du flavivirus de l'encéphalite de la Vallée de Murray et des souris issues du croisement en retour de la lignée de souris résistante C3H/RV avec les lignées de souris sensibles C3/He ou
30 BALB/c, le locus *Flv* a été localisé dans une région de 0,9 cM du chromosome 5, chez

la souris, entre les marqueurs *D5Mit68* et *D5Mit242* (G.R. Shellam et al., Rev. Sci. Tech. Off. Epiz. 1998, 17 :231-248.).

Les Inventeurs ont maintenant isolé une nouvelle souche du virus West-Nile, à partir d'échantillons prélevés sur des cigognes en Israël (dans la ville
5 d'Eilat) en septembre 1998, qui a été sélectionnée pour l'étude de la résistance/sensibilité d'un hôte (mammifère humain ou non-humain) à l'infection par les virus de la famille des *Flaviviridae*.

Conformément à l'invention, ladite souche neurovirulente et neuroinvasive du virus West-Nile isolée, dénommée IS-98-ST1, est caractérisée en ce
10 que son génome est constitué par la séquence SEQ ID NO :1 qui code pour une polyprotéine présentant la séquence SEQ ID NO : 2.

Les Inventeurs ont notamment montré que les souris de laboratoire sont extrêmement sensibles à l'infection par la souche IS-98-ST1 alors que les souris des lignées SEG, WMP, STF et MAI qui dérivent de souris sauvages appartenant à
15 des espèces différentes bien que du même genre *Mus*, sont complètement résistantes à l'infection par cette souche ; une inoculation par voie intrapéritonéale de 1000 UFF (Unités Formant Foyer ; UFF:DL50 = 100) est mortelle à 100 % pour les souris de laboratoire, alors que les souris sauvages ne présentent aucun symptôme ; en outre, le virus se réplique chez ces souris, comme le montre l'apparition d'anticorps sériques
20 spécifiques.

La présente invention a également pour objet des réactifs, dérivés de la souche IS-98-ST1, utilisés pour l'étude et le diagnostic des infections par les *Flaviviridae*, lesquels réactifs sont sélectionnés dans le groupe constitué par les réactifs suivants :

25 (a) une molécule d'acide nucléique choisie parmi la séquence SEQ ID NO :1, les fragments d'au moins 15 nucléotides de la séquence SEQ ID NO :1 et les séquences complémentaires sens et anti-sens des séquences précédentes, à l'exclusion du fragment présentant la séquence GENBANK AF205882.

(b) un vecteur recombinant comprenant une molécule d'acide
30 nucléique telle que définie en (a),

(c) une cellule transformée par une molécule d'acide nucléique telle que définie en (a), un vecteur tel que défini en (b) ou une souche neurovirulente du virus West-Nile telle que définie en (a),

(d) une protéine ou un peptide codé par une molécule d'acide
5 nucléique telle que définie en (a),

(e) un anticorps polyclonal, susceptible d'être obtenu par immunisation d'un mammifère non-humain avec la souche IS-98-ST1 du virus West-Nile telle que définie ci-dessus ; de manière préférée, ledit mammifère non-humain est une souris homozygote pour l'allèle *Flv^r*, résistante à l'infection par les *Flaviviridae*, et

10 (f) un anticorps polyclonal ou monoclonal, susceptible d'être obtenu par immunisation d'un mammifère non-humain avec un vecteur recombinant tel que défini en (b) ou bien une protéine ou un peptide, tels que définis en (d).

Ces différents réactifs sont préparés et utilisés selon les techniques classiques de biologie moléculaire et d'immunologie, en suivant les protocoles
15 standards tels que ceux décrits dans *Current Protocols in Molecular Biology* (Frederick M. AUSUBEL, 2000, Wiley and son Inc, Library of Congress, USA) et dans *Current Protocols in Immunology* (John E. Coligan, 2000, Wiley and Son Inc. Library of Congress. USA).

Les fragments d'acides nucléiques tels que définis ci-dessus, en
20 particulier ceux correspondant aux séquences SEQ ID NO: 3-11 sont utilisés par exemple comme sonde ou comme amorce pour le diagnostic d'une infection par le virus West-Nile ; l'infection est détectée par exemple par PCR et/ou par hybridation, à partir des acides nucléiques extraits d'un échantillon biologique prélevé chez un individu susceptible d'être infecté ou un animal de laboratoire inoculé par ledit virus.

25 Selon un mode de réalisation avantageux desdits fragments, ils comprennent au moins 15 nucléotides de la SEQ ID NO:1 en amont ou en aval de l'un des codons en position suivante :

- codon Alanine (A) en positions 1117-1119, correspondant au résidu en position 51 de la protéine E ou en position 341 de la séquence de la
30 polyprotéine virale de séquence SEQ ID NO:2 (la séquence de la protéine E s'étend

des codons en position 291 à 791 de la séquence SEQ ID NO:2, correspondants aux nucléotides 967 à 2469 de la séquence SEQ ID NO:1),

- codon Asparagine (N) en positions 2518-2520, correspondant au résidu en position 17 de la protéine NS1 ou en position 808 de la séquence SEQ ID NO:2 (la séquence de la protéine NS1 s'étend des codons en position 792 à 1144 de la séquence SEQ ID NO:2, correspondants aux nucléotides 2470 à 3528 de la séquence SEQ ID NO:1).

- codon Arginine (R) en positions 4018-4020, correspondant au résidu en position 164 de la protéine NS2A ou en position 1308 de la séquence SEQ ID NO:2 (la séquence de la protéine NS2A s'étend des codons en position 1145 à 1374 de la séquence SEQ ID NO:2, correspondants aux nucléotides 3529 à 4218 de la séquence SEQ ID NO:1),

- codons Glycine (G) en positions 4462-4464 et acide Glutamique (E) en positions 4465-4467, correspondant respectivement au résidu en position 82 et 83 de la protéine NS2B ou en position 1456 et 1457 de la séquence SEQ ID NO:2 (la séquence de la protéine NS2B s'étend des codons en position 1375 à 1505 de la séquence SEQ ID NO:2, correspondants aux nucléotides 4219 à 4611 de la séquence SEQ ID NO:1).

- codons Proline (P) en positions 6097-6099 et acide Glutamique en positions 6172-6174, correspondant respectivement au résidu en position 496 et 521 de la protéine NS3 ou en position 2001 et 2026 de la séquence SEQ ID NO:2 (la séquence de la protéine NS3 s'étend des codons en position 1506 à 2124 de la séquence SEQ ID NO:2, correspondants aux nucléotides 4612 à 6468 de la séquence SEQ ID NO:1), et

- codons Serine (S) en positions 7840-7842, Asparagine (N) en positions 8518-8520 et Alanine (A) en positions 8794-8796, correspondant respectivement au résidu en position 54, 280 et 372 de NS5 ou en position 2582, 2808 et 2900 de la séquence SEQ ID NO:2 (la séquence de la protéine NS5 s'étend des codons en position 2529 à 3430 de la séquence SEQ ID NO:2, correspondants aux nucléotides 7681 à 10386 de la séquence SEQ ID NO:1).

De telles amorces sont utiles pour amplifier des fragments contenant lesdits codons.

De manière préférée, lesdites amorces sont situés entre 10 et 100 nucléotides en amont ou en aval desdits codons.

5 Selon un autre mode de réalisation avantageux desdits fragments, ils sont constitués par les fragments comprenant les codons précités, de préférence entre 50 et 200 nucléotides, qui sont amplifiés en utilisant les amorces telles que définies ci-dessus.

Les vecteurs recombinants tels que définis ci-dessus, en particulier
10 les vecteurs d'expression et les cellules transformées par lesdits vecteurs d'expression sont avantageusement utilisés pour la production des protéines et des peptides correspondants.

Lesdites protéines et lesdits peptides, qui sont aptes à être reconnus et/ou à induire la production d'anticorps spécifiques du virus West-Nile, en particulier
15 de souches neurovirulentes, sont utiles pour le diagnostic d'une infection par un virus West-Nile ; l'infection est détectée par une technique appropriée, notamment EIA, ELISA, RIA, immunofluorescence à partir d'un échantillon biologique prélevé chez un individu susceptible d'être infecté ou un animal de laboratoire inoculé par ledit virus. Les protéines et les peptides tels que définis ci-dessus sont également utilisés
20 pour la recherche de partenaires cellulaires de ces protéines virales susceptibles d'être impliqués dans la pathogénicité (neurovirulence) du virus West-Nile ; ces partenaires sont identifiés par des techniques d'immunoaffinité, par exemple par chromatographie sur colonne d'immunoaffinité.

Les anticorps selon l'invention sont utiles pour le diagnostic d'une
25 infection par un virus West-Nile en particulier des souches neurovirulentes ; l'infection est détectée par une technique appropriée, notamment EIA, ELISA, RIA, immunofluorescence à partir d'un échantillon biologique prélevé chez un individu susceptible d'être infecté ou un animal de laboratoire inoculé par ledit virus. Parmi ceux-ci, les anticorps produits par immunisation de souris *Flv'/Flv'* avec la souche IS-
30 98-ST1 possèdent avantageusement un titre élevé et une très grande spécificité pour le virus West-Nile.

Les cellules transformées selon l'invention, en particulier les cellules neurales (neurones et cellules endothéliales) infectées par une souche neurovirulente telle que définie ci-dessus, sont utilisées pour identifier les gènes issus de ces cellules dont l'expression pourrait être modulée au cours de l'infection virale ; ces gènes sont
5 détectés par exemple par la technologie des biopuces, selon les protocoles classiques tels que décrits dans « Atlas Mouse Arrays (#membranes) ATLAS™ NYLON cDNA EXPRESSION ARRAYS (CLONTECH, USA).

La présente invention a également pour objet un modèle d'étude de la sensibilité/résistance à l'infection par un virus de la famille des *Flaviviridae*, caractérisé en ce qu'il comprend au moins une souche neurovirulente du virus West-Nile
10 telle que définie ci-dessus.

Selon un mode de réalisation avantageux dudit modèle, il comprend en outre une souris homozygote pour l'allèle *Flv^r* ou *Flv^s*.

La présente invention a également pour objet un procédé de détection d'une infection à *Flaviviridae*, notamment du virus West-Nile, caractérisé en ce qu'il comprend :

- l'amplification des ARN issus d'un échantillon biologique à tester à l'aide des amorces telles que définies ci-dessus, et
- le séquençage du produit d'amplification obtenu.

20 Une telle détection peut avantageusement permettre le pronostic de la sévérité d'une encéphalite virale à virus West-Nile.

La souche neurovirulente du virus West-Nile selon l'invention est utilisée pour le criblage de gènes cellulaires impliqués dans la résistance d'un mammifère à l'infection par un virus de la famille des *Flaviviridae*, de préférence le virus de
25 l'hépatite C.

De manière avantageuse, ledit procédé de criblage comprend les étapes suivantes :

- mise en culture de cellules dérivées d'un hôte (humain ou non-humain) sélectionné pour sa résistance ou sa sensibilité à l'infection par un *Flaviviridae*,
30
- infection *in vitro* desdites cellules par un *Flaviviridae*, et

- détection de gènes exprimés de manière différentielle dans lesdites cellules infectées.

Conformément à l'invention, ladite détection peut comprendre l'établissement du profil de transcrits ou de protéines à partir desdites cellules.

5 La présente invention a également pour objet l'utilisation du modèle tel que défini ci-dessus pour le tri de molécules actives contre une infection virale due à un virus de la famille des *Flaviviridae*.

La présente invention a en outre pour objet un procédé de tri de molécules actives contre une infection par un Flavivirus, caractérisé par :

10 - la mise en contact d'une culture de cellules eucaryotes, issues d'un mammifère (humain ou non-humain) sensible à l'infection à un *Flaviviridae* avec une suspension virale de la souche selon la revendication 1, en présence ou en l'absence de la molécule à tester et

- détection de l'amplification/réplication du virus, par toute méthode
15 connue (quantification génome, ARNm, protéines, particules virales).

La présente invention a également pour objet un variant de la souche virale telle que définie ci-dessus, caractérisé en ce que son génome comprend au moins une mutation dans la séquence nucléotidique correspondant à la protéine NS5.

20 Outre les dispositions qui précèdent, l'invention comprend encore d'autres dispositions, qui ressortiront de la description qui va suivre, qui se réfère à des exemples de mise en œuvre de l'objet de la présente invention, avec références aux dessins annexés dans lesquels :

- les figures 1A à 1E représentent la comparaison de la séquence en acides aminés des protéines virales de la souche IS-98-ST1 (SEQ ID NO : 2), isolée à
25 partir de cigognes (CI) et de la souche New York (NY99 ; Genbank AF196835) isolée à partir de flamands roses (FLA), lors de l'épidémie de 1999 aux Etats-Unis,

- la figure 2 représente la cinétique de mortalité et la cinétique d'apparition des anticorps sériques spécifiques chez des souris sensibles *Flv^s/Flv^s* (BALB/c), infectées par la souche IS-98-ST1 du virus West-Nile,

30 - la figure 3 représente la cinétique de propagation de la souche IS-98-ST1 dans le système nerveux central des souris sensibles *Flv^s/Flv^s* (BALB/c),

- les figures 4 (A, B et C) représentent la cinétique d'apparition des antigènes viraux dans les cellules Neuro 2a et les neurones primaires de souris sensibles (BALB/c) infectées par le virus West-Nile (souche IS-98-ST1),

- la figure 5 représente la mort par nécrose des cellules Neuro 2a infectées par le virus West-Nile (souche IS-98-ST1),

- la figure 6 représente le protocole expérimental utilisé pour préciser la localisation du locus *F/v* sur le chromosome 5 de la souris,

- la figure 7 représente la carte génétique du locus *F/v*, déterminée à partir de souris sensibles, issues du premier croisement en retour entre les lignées résistantes (MAI/Pas et MBT/Pas) et les lignées sensibles (C57BL/6 ou BALB/c). Les boîtes blanches représentent les allèles BALB/c ou C57BL/6 et les boîtes noires représentent les allèles MAI/Pas ou MBT/Pas.

- la figure 8 représente la carte génétique du locus *F/v* déterminée à partir des souris résistantes et sensibles, issues du premier croisement en retour (BC1) entre les lignées résistantes (MAI/Pas et MBT/Pas) et les lignées sensibles (C57BL/6 et BALB/c). Les lignes grisées représentent les allèles (BALB/c ou C57BL/6) et les lignes noires représentent les allèles MAI/Pas ou MBT/Pas,

- la figure 9 représente la carte génétique et la carte physique du locus *F/v* et la position du gène OAS dans ce locus, et

- la figure 10 représente la distribution des allèles *F/v* chez les souris résistantes et sensibles issues du premier croisement en retour (BC1) entre les lignées résistantes (MAI/Pas et MBT/Pas) et les lignées sensibles (C57BL/6 et BALB/c).

Exemple 1 : Isolement, amplification, purification et titration de la souche neuroinvasive du virus West-Nile IS-98-ST1

Un isolat du virus West-Nile (WN) a été obtenu à partir du système nerveux central d'une cigogne manifestant des troubles neuropathologiques sévères, en septembre 1998, à Eilat (Israël). L'infection de cellules VERO par cet isolat est cytotytique et l'immunofluorescence indirecte avec un ascite de souris immun spécifique du virus West-Nile (sérum immun de référence WN 8907) est positive à 100 %. Le virus produit sur cellules VERO a été récolté et amplifié sur cellules de moustiques AP61 (Després et al., Virol., 1993, 196 : 209-219)

Le Passage 1 (ou P1) du virus WN sur cellules AP61 a été récolté 3 jours après l'infection ; il possède un titre de $2,5 \times 10^8$ UFF/ml (Unité Formant Foyer) par la technique de titration sur cellules AP61 décrite dans Després et al (précité). L'inoculum P1 du virus WN sur cellules AP61 a été identifié comme la souche IS-98-ST1.

Un P2 a été obtenu à partir de cellules AP61 infectées par la souche IS-98-ST1. P1 (titre: 6×10^7 UFF/ml). L'inoculum P2 de IS-98-ST1 est utilisé pour les épreuves de sensibilité à l'infection virale chez des souris adultes.

Un inoculum viral P3 de la souche IS-98-ST1 avec un titre de 5×10^7 UFF/ml a été produit sur cellules AP61. Une préparation virale hautement purifiée, préparée selon le protocole de purification des flavivirions décrit dans Després et al., 1993) a été obtenue à partir de 20 boîtes de 150 cm^2 de cellules AP61 récoltées 3 jours après l'infection par l'inoculum P3 du virus WN souche IS-98-ST1 (multiplicité d'infection de 0,4). La souche IS-98-ST1 purifiée en gradients de saccharose a un titre final de 2×10^{10} UFF/ml. Les ARN extraits de ce virus purifié sont utilisés pour amplifier les ADNc correspondant aux protéines virales C, prM et NS1 ou aux séquences non codantes aux extrémités 5' et 3' du génome viral.

Exemple 2 : Séquençage du génome de la souche neuroinvasive IS-98-ST1

Le génome viral a été extrait à partir du surnageant de culture des cellules VERO infectées de l'exemple 1 à l'aide du kit "QIAamp Viral RNA" (QIAGEN), en suivant les instructions du fabricant. 6 produits RT-PCR chevauchants ont été amplifiés à partir de ces ARNs en utilisant les amorces décrites par Lanciotti et al. (précité). Les extrémités 5' et 3' du génome viral ont été amplifiées respectivement à l'aide des amorces suivantes:

- 5' AGTAGTTCGCCTGTGTGAGCTGACAAAC 3' (SEQ ID NO:5), et
- 5' AGATCCTGTGTTCTCGCACCACCAGCCAC 3' (SEQ ID NO:6).

L'ADNc correspondant à la protéine virale E a été amplifié à l'aide des amorces 5' GGATGGATGCT(A/T)GG(G/T)AGCAAC 3' (SEQ ID NO:7) et 5' CCATCCAAGCCTCCACATC 3' (SEQ ID NO:8), s'hybridant respectivement dans le gène de la protéine M (positions 889 à 909 de la séquence SEQ ID NO:1) et dans le gène de la protéine NS1 (positions 2539 à 2557 de la séquence SEQ ID NO:1).

Les ADNc obtenus ont été purifiés par chromatographie échangeuse d'ions et précipités dans 2 volumes d'isopropanol. Ensuite les ADNc ont été séquencés sur les deux brins en utilisant le kit "Taq Dye Deoxy Terminator Cycle Sequencing" (PERKIN ELMER CORP./APPLIED BIOSYSTEM) et les amorces
5 espacées de 400 paires de bases sur le génome viral (Lanciotti et al., précité). Le séquençage a été réalisé avec 0.2 pmoles d'ADNc purifié et 30 pmoles d'amorces, en suivant le protocole recommandé par le fabricant. L'alignement des séquences est réalisé à l'aide du logiciel CLUSTAL W.

La séquence génomique complète de la souche IS-98-ST1 du virus
10 West-Nile correspond à la séquence SEQ ID NO :1.

L'alignement des séquences en acides aminés de la souche IS-98-ST1 (Seq ID NO : 2) et de la souche NY99, présentée à la figure 1, montre que la souche IS-98-ST1 isolée en Israël en 1998 et la souche NY-99 isolée à New York en 1999 sont très proches (divergence de moins de 0,2% au niveau des séquences en
15 acides aminés).

Cependant, les différences observées dans la souche IS-98-ST1, respectivement dans les protéines E (A₅₁), NS1 (N₁₇), NS2A (R₁₆₄), NS2B (G₈₂, E₈₃), NS3 (P₄₉₆, E₅₂₁) et NS5 (S₅₄, N₂₈₀, A₃₇₂) sont potentiellement responsables de la neurovirulence et des propriétés neuroinvasives observées avec cette souche et
20 peuvent servir de marqueur de virulence du virus West-Nile.

Exemple 3 : Clonage des protéines de la souche neuroinvasive IS-98-ST1 et utilisations des plasmides recombinants obtenus.

1- La protéine C

L'ARN génomique extrait des virions IS-98-ST1 purifiés sur
25 gradients de saccharose décrits à l'exemple 1, à l'aide de la solution RNA PLUS 2 (Q.BIOGEN), est utilisé comme matrice pour amplifier la séquence codant pour la protéine C (acides aminés 1 à 123) par la technique RT-PCR (kit Titan One Tube RT-PCR; Roche Biochemicals #1939 823).

Le couple d'amorces utilisé sur la matrice ARN est le suivant :

- 5'C/WNV (séquence des nt 81-117 de la séquence SEQ ID NO:1)

5' TAG CAC GAA GAA TTC GAT GTC TAA AAA CCA GGA GGG 3' (SEQ ID NO:11)
qui contient le site de restriction *EcoRI*, et

- 5 • 3'C/WNV (séquence anti-sens des nt 433 à 482 de la séquence SEQ ID NO:1)

5' AAGTTAGCCCGGGTTAATGCTCCTACGCTGGCGATCAGGCCAATCAGGAC 3'
(SEQ ID NO:4) qui contient le site de restriction *Sma I*.

L'ADNc de la protéine C de la souche IS-98-ST1 (acides aminés 1 à 123) du virus WN a été cloné d'une part entre les sites *EcoRI* et *SmaI* du plasmide pCI-neo (Promega # E1841) et d'autre part entre les sites *KspI* et *SmaI* du plasmide pIVEX 2.4a (Roche).

Le plasmide recombiné pCI-C/WN (déposé le 21 juin 2001 à la Collection Nationale de Culture de Microorganismes de l'Institut Pasteur de Paris, 28, rue du Docteur Roux, 75724, PARIS Cedex 15 sous le numéro I-2688) contient la
15 séquence complète du gène de la protéine C de la souche IS-98-ST1 du virus WN entre les promoteurs T7 et T3. La transcription *in vitro* de pCI-C/WN linéarisé par *NheI* sous la dépendance du promoteur T3 synthétise un ARN d'environ 350 bases complémentaires de la séquence virale génomique. La ribosonde marquée à la DIG (digoxigénine) est utilisée pour la détection des ARN viraux sens positif présents dans
20 les cellules infectées par le virus WN, par la technique d'hybridation *in situ*, selon le protocole décrit dans Després *et al.*, (*J. Virol.*, 1998, 72 : 823-829).

Le plasmide recombinant pIVEX-C/WN est utilisé pour la production massive de la protéine C (acides aminés 1 à 123) du virus WN en lysat bactérien (système RTS 500 de Roche). La protéine recombinante C produite *in vitro* possède à
25 son extrémité N-terminale une séquence [His]₆ et le site de clivage reconnu par la protéase Xa pour permettre d'une part sa purification sur colonne de Ni et d'autre part l'élimination des résidus histidines. La protéine C de la souche IS-98-ST1 du virus WN ainsi produite est utilisée pour des études structurales, pour la recherche de partenaires cellulaires de cette protéine en colonne d'immunoaffinité, et pour la production

d'anticorps monospécifiques chez le lapin.

2- La protéine M

Les ADNc de la souche IS-98-ST1 du virus WN codant pour la protéine M (acides aminés 215 à 290 de la polyprotéine virale) ou son ectodomaine de
5 41 acides aminés (acides aminés 215 à 255; acronyme *ectoM*) sont clonés :

(1) en phase avec l'extrémité C-terminale de l'EGFP dans le plasmide p[95-114]EGFP, dérivé du plasmide pEGFP-N1 (Clontech) qui comprend les résidus 95-114 de la protéine C du virus de la dengue de type 1 (souche BR/90) fusionnés en phase avec la séquence N-terminale de la protéine EGFP[215-290]WNV,
10 pour donner le plasmide p[95-114]EGFP[215-290]WNV,

(2) dans le plasmide pIVEX (système RTS 500 de Roche) pour donner le plasmide pIVEX[EGFP][215-255]WNV,

(3) dans le vecteur rétroviral TRIPdeltaU3CMV, pour donner le plasmide TRIPdeltaU3CMV[95-114]EGFP[215-255]WNV.

15 Le plasmide pIVEX[EGFP][215-255]WNV permet la synthèse *acellulo* et la purification de la protéine chimérique EGFP-*ectoM* WNV qui est utilisée d'une part pour la production d'anticorps monospécifiques dirigés contre la protéine M du virus WN et d'autre part pour la recherche de partenaires cellulaires de la molécule *ectoM* WNV en colonne d'immunoaffinité.

20 Le plasmide TRIPdeltaU3CMV[95-114]EGFP[215-255]WNV est cotransfecté dans des cellules 293T avec les plasmides 8.7 et G-VSV pour produire des particules virales pseudotypées par l'enveloppe G du virus de stomatite vésiculaire (VSV), contenant les protéines internes du virus de l'immunodéficience acquise (VIH) et des molécules d'ARN chimériques CMV[95-114]EGFP[215-255]WNV. L'infection
25 des cellules cibles par le vecteur recombiné non répliquatif permet l'intégration dans le génome cellulaire de l'ADN CMV[95-114]EGFP[215-255]WNV et l'expression stable de l'ectodomaine de la protéine M-WN sous le contrôle du promoteur CMV.

3- La protéine NS1

L'ARN génomique extrait des virions IS-98-ST1 purifiés est ampli-
30 fié par la technique RT-PCR (kit Titan One Tube RT-PCR; Roche Biochemicals #1939 823) à l'aide du couple d'amorces suivant:

- 5'TGGATGGGATCCAATATGCGTGATAGGTCC 3' (SEQ ID NO:9) qui contient le site de restriction *Bam*H1 et

- 3'AAAAGGGTCAATGGTACCAGCATTTTAAGCATTCACGTT 3' (SEQ ID NO:10) qui contient le site de restriction *Kpn*I.

5 L'ADNc codant pour la glycoprotéine NS1 avec son peptide signal (acides aminés 767 à 1143 de la polyprotéine virale est cloné entre les sites *Bam*H1 et *Kpn*I du vecteur rétroviral TRIPdeltaU3 pour produire le plasmide recombiné TRIPdeltaU3-CMV-NS1-WN (déposé le 9 janvier 2002 à la Collection Nationale de Culture de Microorganismes de l'Institut Pasteur de Paris, 28 rue du Docteur ROUX, 10 75724, PARIS Cedex 15 sous le numéro I-2770). Le plasmide TRIPdeltaU3-CMV-NS1-WN est cotransfecté dans des cellules 293T avec les plasmides 8.7 et G-VSV pour produire des particules virales pseudotypées par l'enveloppe G du virus de stomatite vésiculaire (VSV), contenant les protéines internes du virus de l'immunodéficience acquise (VIH) et des molécules d'ARN chimériques CMV-NS1-15 WN. L'infection des cellules cibles par le vecteur recombiné non réplicatif permet l'intégration dans le génome cellulaire de l'ADN CMV-NS1-WN et l'expression stable de la protéine NS1 du virus WN sous le contrôle du promoteur CMV. La protéine NS1 de la souche IS-98-ST1 du virus WN ainsi produite est utilisée pour des études structurales, pour la recherche de partenaires cellulaires de cette protéine en colonne 20 d'immunoaffinité, et pour la production d'anticorps monospécifiques chez le lapin.

Exemple 4 : Les souris sauvages et de lignées consanguines de laboratoire se différencient par leur sensibilité à l'infection par la souche neuroinvasive IS-98-ST1 du virus West-Nile.

1- Les lignées de souris et les cellules sensibles.

25 a) lignées de souris sensibles

Des souris de lignées consanguines sensibles *Flv*^S (BALB/c) âgées de 6 semaines sont inoculées par la voie intrapéritonéale avec 100 UFF de la souche IS-98-ST1 virus West-Nile (UFF:DL50 = 10), préparée comme décrit à l'exemple 1.

Ces souris meurent à 100% avec un temps moyen de mortalité de 9 ± 30 2 jours (Figure 2).

La cinétique de propagation de la souche IS-98ST1 dans le système

nerveux central de la souris sensible (BALB/c) a été analysée à partir des extraits de cerveau des souris infectés titrés sur cellules AP61, selon la technique décrite dans selon la technique décrite dans Després et al. (*J. Virol.*, 1998, 72, 823-829). Les résultats montrent que le virus est détecté dans le système nerveux central (SNC) 5 murin au 5^{ème} jour de l'infection et la production virale est maximale au 7^{ème} jour (Figure 3). Au 9^{ème} jour de l'infection, le virus n'est plus détecté dans le SNC murin (Figure 3).

La réplication du virus WN dans le SNC et les organes périphériques des souris infectées par la souche IS-98-ST1 est également détectée par immuno- 10 histologie, selon les protocoles classiques tels que décrits dans Després et al., 1998 (précité) et par hybridation *in situ*, selon les protocoles décrits à l'exemple 3.

Les anticorps sériques spécifiquement dirigés contre les protéines du virus WN sont titrés par ELISA selon le protocole décrit dans Després et al., 1993 (précité), en utilisant la souche IS-98-ST1 purifié sur gradient de saccharose telle que 15 décrite à l'exemple 1, comme antigène. Les résultats montrent que les anticorps sériques apparaissent au 5^{ème} jour de l'infection et sont significativement détectés au 7^{ème} jour (figure 2).

b) cellules sensibles

b1) cultures primaires

20 Des neurones primaires et des astrocytes du SNC de souris sensibles homozygotes pour l'allèle *Flv^s* (souris Swiss, Janvier) sont préparés selon les protocoles classiques. Les cellules sont infectées par la souche IS-98-ST1 à une multiplicité d'infection de 20 UFF par cellule (m.i. de 20). L'effet cytopathique est observé en microscopie optique. la production virale est analysée par titration sur cellules AP61 25 comme décrit précédemment à l'exemple 1 et l'expression des antigènes viraux est analysée par radioimmunoprécipitation à l'aide d'un sérum immun de souris anti-West-Nile, selon les protocoles classiques tels que décrits dans Duarte Dos Santos et al. (*Virology*, 2000, 274 : 292-308).

Les résultats montrent que 80% des neurones en culture produisent 30 les antigènes viraux :

- leur profil en gel de polyacrylamide-SDS est présenté à la figure

4A.

- la production virale est de $[3.0 \pm 1,5] \times 10^6$ UFF/ml après 20 h d'infection et de $[7.0 \pm 0.5] \times 10^7$ UFF/ml à 40 h.

- les effets cytopathiques (ECPs) de type nécrotique sont observés
5 après 48 h d'infection virale.

En revanche, les astrocytes du SNC murin ne sont pas permissifs à la réplication du virus WN souche IS-98-ST1.

b₂) lignées cellulaires

Des cellules de neuroblastome murin Neuro 2a et des cellules
10 d'hépatome humain HepG2, cultivées dans les conditions classiques telles que décrites dans Marianneau et al. (*J. Virol.*, 1996, 77 : 2547-2554) sont infectées à différentes multiplicité d'infection par le virus WN souche IS-98-ST1, préparé comme décrit à l'exemple 1. L'effet cytopathique est observé en microscopie optique, la production virale est analysée par titration sur cellules AP61 comme décrit précédemment à
15 l'exemple 1 et l'expression des antigènes viraux est analysée par radioimmuno-précipitation à l'aide d'un sérum immun de souris anti-West-Nile, selon les protocoles classiques tels que décrits dans Duarte Dos Santos et al., *Virol.*, 2000, 274,292-308.

Les résultats montrent que les cellules de neuroblastome murin Neuro 2a sont permissives à la réplication de la souche IS-98-ST1 du virus WN. Une
20 m.i. de 4 est nécessaire pour infecter 80% des cellules Neuro 2a en monocouche. La production virale est de 10^7 UFF/ml (m.i. de 4) après 40 h d'infection et la mort cellulaire par nécrose est massive (Figure 5). La cinétique de production des antigènes majeurs prM, E et NS1 à partir de la polyprotéine virale présentée dans la figure 4B. montre que le demi-temps de formation de la glycoprotéine d'enveloppe E est
25 d'environ 30 min. La protéine E de la souche IS-98-ST1 semble ne posséder qu'un seul résidu N-glycane (figure 4C).

Les résultats montrent également que les cellules d'hépatome humain HepG2 sont permissives à la réplication de la souche IS-98-ST1 du virus WN. A une
m.i. de 10, la production virale est de $[2 \pm 1] \times 10^6$ UFF/ml après 48 h d'infection et les
30 ECPs sont observés à partir de 72 h.

2- Les souris résistantes.

Les lignées de souris résistantes (*Flv'*) qui dérivent de souris sauvages de l'espèce *Mus spretus* (SEG/Pas et STF/Pas), *Mus musculus musculus* (MBT/Pas, MAI/pas), *Mus musculus domesticus* (WMP/Pas), sont inoculées par la voie intrapéritonéale, avec 1000 UFF (100 DL50) de la souche IS-98-ST1 préparée
5 selon le protocole décrit à l'exemple 1.

Contrairement aux souris de laboratoire qui sont sensibles à l'infection par la souche IS-98-ST1 et meurent en une dizaine de jours, ces souris dérivant de souris sauvages sont résistantes à l'inoculation de la souche IS-98-ST1 et néanmoins permissives à la réplication de la souche IS-98-ST1. En effet, l'infection
10 virale des souris dérivant de souris sauvages est asymptomatique bien que le virus se multiplie *in toto* comme le démontre la production d'anticorps sériques anti-WN à hauts titres ; en ELISA, les titres des sérums à la dilution 1:100 pour 10^6 UFF de virion purifié IS-98-ST1 sont supérieurs à 1 unité de D.O. à 450 nm.

Les souris résistantes à l'infection virale sont utilisées pour la production de sérums immuns spécifiquement dirigés contre les protéines de la souche IS-98-ST1 du virus WN. Trois semaines après inoculation du virus WN, les sérums prélevés de souris résistantes (0,045 ml par souris) sont mélangés, décomplémentés 30 min à 56°C puis dilués au 1:10 dans du DPBS* ($^V/V$) supplémenté avec 0,2% ($^V/V$) de Sérum Albumine bovine (Life Technologies) et 0,05% ($^P/V$) d'azide de sodium. Les
20 sérums dilués sont répartis en 0,2 ml et conservés à -20°C. Les sérums immuns dirigés contre la souche IS-98-ST1 sont utilisés aux dilutions finales de 1:500 pour l'immunofluorescence indirecte et au 1:1000 pour l'immunoprécipitation des protéines virales radiomarquées.

**Exemple 5 : Utilisation de la souche IS-98-ST1 du virus West-Nile pour identifier
25 les gènes cellulaires impliqués dans la sensibilité de l'hôte à l'infection aux virus de la famille des *Flaviviridae*.**

1) Méthodes

a) Modèle d'analyse de la résistance à l'infection par les *Flaviviridae*
(figure 6)

30 Des souris mâles des lignées résistantes MAI/Pas et MBT/Pas sont croisées avec des souris femelles des lignées sensibles C57BL/6 et BALB/c. Les souris

mâles de la génération F1 sont croisées en retour avec des souris femelles des lignées sensibles C57BL/6 et BALB/c pour donner une génération de souris de premier croisement en retour (BC1).

Des souris BC1 âgées de 5 semaines sont inoculées par voie intra-
5 péritonéale avec la souche IS-98-ST1, préparée selon le protocole décrit à l'exemple 1, dans les conditions décrites à l'exemple 2.

Les animaux sont observés tous les jours et les taux de mortalité et de survie sont déterminés 14 jours après l'infection.

b) géotypage des allèles Flv

10 Les allèles *Flv* des individus BC1 ont été cartographiés par PCR génomique à l'aide d'amorces spécifiques de 16 microsatellites du chromosome 5 (Catalogue Research Genetics) entourant le locus *Flv* (figures 7-9), selon les techniques courantes de biologie moléculaire en utilisant les protocoles standards tels que ceux décrits dans *Current Protocols in Molecular Biology* (Frederick M.
15 AUSUBEL, 2000, Wiley and son Inc, Library of Congress, USA).

2) Résultats

L'analyse de la distribution des allèles *Flv* chez les souris BC1 sensibles et résistantes à l'infection par la souche IS-98ST1 montre qu'un allèle *Flv'* est suffisant pour conférer la résistance à l'infection (figure 10). Les résultats montrent
20 également que dans ce modèle il existe une corrélation parfaite entre le phénotype résistant et la présence de l'allèle *Flv'* et une corrélation presque parfaite entre le phénotype sensible et l'absence de l'allèle *Flv'* (figure 10).

Le géotypage des allèles *Flv* montre que le locus *Flv* est localisé dans une région de 0.2 cM contenant le gène OAS1 (figures 7-9).

REVENDICATIONS

1°) Souche isolée du virus West-Nile, caractérisée en ce que son génome est constitué par la séquence SEQ ID NO :1.

2°) Molécule d'acide nucléique, caractérisée en ce qu'elle est sélectionnée dans le groupe constitué par la séquence SEQ ID NO :1, les fragments d'au moins 15 nucléotides de la séquence SEQ ID NO :1 et les séquences complémentaires sens et anti-sens des séquences précédentes, à l'exclusion du fragment présentant la séquence GENBANK AF205882.

3°) Molécule d'acide nucléique selon la revendication 2, caractérisée en ce qu'elle est choisie dans le groupe constitué par les amorces comprenant au moins 15 nucléotides de la séquence en amont ou en aval de l'un des codons correspondant aux positions suivantes dans la séquence nucléotidique SEQ ID NO:1:

- codon Alanine en positions 1117-1119 (position 51 dans la séquence en acides aminés de la protéine E),
- codon Asparagine en positions 2518-2520 (position 17 de la séquence en acides aminés de la protéine NS1),
- codon Arginine en positions 4018-4020 (position 164 de la séquence en acides aminés de la protéine NS2A),
- codons Glycine en positions 4462-4464 et acide Glutamique en positions 4465-4467 (positions 82 et 83 de la séquence en acides aminés de la protéine NS2B),
- codons Proline en positions 6097-6099 et acide Glutamique en positions 6172-6174 (positions 496 et 521 de la séquence en acides aminés de la protéine NS3), et
- codons Serine en positions 7840-7842, Asparagine en positions 8518-8520 et Alanine en positions 8794-8796 (positions 54, 280 et 372 de la séquence en acides aminés de la protéine NS5).

4°) Molécule d'acide nucléique selon la revendication 2, caractérisée en ce qu'elle est choisie dans le groupe constitué par les fragments, de préférence entre 50 et 200 nucléotides, amplifiés en utilisant les amorces selon la revendication 3.

5°) Vecteur recombinant, caractérisé en ce qu'il comprend une molécule d'acide nucléique selon l'une quelconque des revendications 2 à 4.

6°) Cellule eucaryote, caractérisée en ce qu'elle est transformée par une molécule d'acide nucléique selon l'une quelconque des revendications 2 à 4, un vecteur selon la revendication 5 ou une souche neurovirulente du virus West-Nile selon la revendication 1.

7°) Protéine ou peptide, caractérisé en ce qu'il est codé par une molécule d'acide nucléique selon l'une quelconque des revendications 2 à 4.

8°) Anticorps polyclonal, caractérisé en ce qu'il est susceptible d'être obtenu par immunisation d'un mammifère non-humain avec la souche selon la revendication 1.

9°) Anticorps selon la revendication 8, caractérisé en ce que ledit mammifère non-humain est une souris homozygote pour l'allèle *Flv^r* de résistance à l'infection par les virus de la famille des *Flaviviridae*.

10°) Anticorps polyclonal ou monoclonal, caractérisé en ce qu'il est susceptible d'être obtenu par immunisation d'un mammifère non-humain avec un vecteur recombinant selon la revendication 5 ou bien une protéine ou un peptide, selon la revendication 7.

11°) Modèle d'étude de la sensibilité/résistance à l'infection par un virus de la famille des *Flaviviridae*, caractérisé en ce qu'il comprend au moins une souche neurovirulente du virus West-Nile selon la revendication 1.

12°) Modèle d'étude selon la revendication 11, caractérisé en ce qu'il comprend en outre une souris homozygote pour l'allèle *Flv^r* ou *Flv^s*.

13°) Procédé de détection d'une infection à *Flaviviridae*, notamment du virus West Nile, caractérisé en ce qu'il comprend :

- l'amplification des ARN issus d'un échantillon biologique à tester en utilisant comme amorces des molécules d'acide nucléique selon la revendication 3, et

- le séquençage du produit d'amplification obtenu.

14°) Procédé de criblage de gènes cellulaires impliqués dans la résistance d'un mammifère à l'infection par un virus de la famille des *Flaviviridae*, caracté-

risé en ce qu'il comprend les étapes suivantes :

- mise en culture de cellules dérivées d'un hôte (humain ou non-humain) sélectionné pour sa résistance ou sa sensibilité à l'infection par un *Flaviviridae*,

5

- infection *in vitro* desdites cellules par un *Flaviviridae*,
- détection de gènes exprimés de manière différentielle dans lesdites cellules infectées.

15°) Utilisation du modèle selon la revendication 11 ou la revendication 12, pour le tri de molécules actives contre une infection virale due à un virus de la famille des *Flaviviridae*.

16°) Procédé de tri de molécules actives contre une infection par un Flavivirus, caractérisé par :

- la mise en contact d'une culture de cellules eucaryotes, issues d'un mammifère sensible à l'infection à un *Flaviviridae* avec une suspension virale de la souche selon la revendication 1, en présence ou en l'absence de la molécule à tester et
- détection de la réplication du virus.

17°) Variant de la souche virale selon la revendication 1, caractérisée en ce que son génome comprend au moins une mutation dans la séquence nucléotidique correspondant à la protéine NS5.

18°) Molécule d'acide nucléique selon la revendication 2, caractérisée en ce qu'elle est sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO :3-11.

1/13

CI	C	MSKKPGGPGKSRVNMMLKRGMPRVLSLIGLKRAMLSLIDGKGPIRFVLAL
FLA		MSKKPGGPGKSRVNMMLKRGMPRVLSLIGLKRAMLSLIDGKGPIRFVLAL
CI		LAFFRFTAIAPTRAVLDWRGWNKQTAMKHLSTFKKELGTLTSAINRRSS
FLA		LAFFRFTAIAPTRAVLDWRGWNKQTAMKHLSTFKKELGTLTSAINRRSS
CI	PFM	KQKKRGGKTGIAMVIGLIASVGAVTLSNFQCKVMMTVNATDVTDVITPT
FLA		KQKKRGGKTGIAMVIGLIASVGAVTLSNFQCKVMMTVNATDVTDVITPT
CI		AAGKNLCIVRAMDVGYMCDOTITYECPVLSAGNDPEDI DCWCTKSAVYVR
FLA		AAGKNLCIVRAMDVGYMCDOTITYECPVLSAGNDPEDI DCWCTKSAVYVR
CI	M	YGRCTKTRHSRRSRSLTVQTHGESTLANKKGAWMDSTKATRYLVKTESW
FLA		YGRCTKTRHSRRSRSLTVQTHGESTLANKKGAWMDSTKATRYLVKTESW
CI	E	ILRNPGYALVAAVIGWMLGSNTMQRVVFVLLLVAPAYSFNCLGMSNRD
FLA		ILRNPGYALVAAVIGWMLGSNTMQRVVFVLLLVAPAYSFNCLGMSNRD
CI		FLEGVSGATWVDLVLEGDSVCTIMSKDKPTIDVKMMNMEANLAEVRSYC
FLA		FLEGVSGATWVDLVLEGDSVCTIMSKDKPTIDVKMMNMEANLAEVRSYC
CI		YLATVSDLSTKACPTMGEAHNDKRAPAFVCRQGVVDRGWGNGCGLFGK
FLA		YLATVSDLSTKACPTMGEAHNDKRAPAFVCRQGVVDRGWGNGCGLFGK
CI		GSIDTCAKFACTKAIGRTILKENIKYEVAIFVHGPTTVESHGNYSTQVG
FLA		GSIDTCAKFACTKAIGRTILKENIKYEVAIFVHGPTTVESHGNYSTQVG
CI		ATQAGRFSITPAAPSYTLKLGEYGEVTVDCPRSGIDTNAYYVMTVGTKT
FLA		ATQAGRFSITPAAPSYTLKLGEYGEVTVDCPRSGIDTNAYYVMTVGTKT
CI		FLVHREWFMDLNLWSSAGSTVWRNRETLMFEFEPHATKQSVIALGSQEG
FLA		FLVHREWFMDLNLWSSAGSTVWRNRETLMFEFEPHATKQSVIALGSQEG
CI		ALHQALAGAIPEVFSSNTVKLTSGHLKCRVKMEKLQKGTTYGVCSKAFK
FLA		ALHQALAGAIPEVFSSNTVKLTSGHLKCRVKMEKLQKGTTYGVCSKAFK
CI		FLGTPADTGHGTVVLELQYTGTDGPKVPISSVASLNDLTPVGRLVTVNP
FLA		FLGTPADTGHGTVVLELQYTGTDGPKVPISSVASLNDLTPVGRLVTVNP
CI		FVSVATANAKVLIELEPPFGDSYIVVGRGEQQINHHWHKSGSSIGKAFTT
FLA		FVSVATANAKVLIELEPPFGDSYIVVGRGEQQINHHWHKSGSSIGKAFTT

FIGURE 1A

2/13

CI FLA	TLKGAQRLAALGDTAWDFGSGVGVFTSVGKAVHQVFVGGAFRSLFGGMSWI TLKGAQRLAALGDTAWDFGSGVGVFTSVGKAVHQVFVGGAFRSLFGGMSWI
	NS1
CI FLA	TQGLLGALLLWMGINARDRSIALTFLAVGGVLLFLSVNVHADTGCAIDIS TQGLLGALLLWMGINARDRSIALTFLAVGGVLLFLSVNVHADTGCAIDIS
CI FLA	RQELRCGNGVFIHNDVEAWMDRYKYYPETPQGLAKIIQKAHKEGVCGLRS RQELRCGSGVFIHNDVEAWMDRYKYYPETPQGLAKIIQKAHKEGVCGLRS
CI FLA	VSRLHQMWAEAVKDELNTLLKENGVDLSVVVEKQEGMYKSAPKRLTATTE VSRLHQMWAEAVKDELNTLLKENGVDLSVVVEKQEGMYKSAPKRLTATTE
CI FLA	KLEIGWKAWGKSILFAPELANNTFVVDGPETKECPTQNRWNSLEVEDFG KLEIGWKAWGKSILFAPELANNTFVVDGPETKECPTQNRWNSLEVEDFG
CI FLA	FGLTSTRMFLKVRESNTTECDSKIIGTAVKNNLAIHSDLSYWIESRLNDT FGLTSTRMFLKVRESNTTECDSKIIGTAVKNNLAIHSDLSYWIESRLNDT
CI FLA	WKLERAVLGEVKSCTWPETHLWGDGILESDLIIPVTLAGPRSNHNRPG WKLERAVLGEVKSCTWPETHLWGDGILESDLIIPVTLAGPRSNHNRPG
CI FLA	YKTQNOGPWDEGRVEIDFDYCPGTTVTLSESCGHRGPATRTTTESGKLIT YKTQNOGPWDEGRVEIDFDYCPGTTVTLSESCGHRGPATRTTTESGKLIT
	NS2A
CI FLA	DWCCRSCCTLPFLRYQTDSCGWYGMETRPQRHDEKTLVQSQVNAYNADMID DWCCRSCCTLPFLRYQTDSCGWYGMETRPQRHDEKTLVQSQVNAYNADMID
CI FLA	PFQIGLLVVFLATQEVLRKRWTAISMPAILIALLVLVFGGITVTDVLRV PFQIGLLVVFLATQEVLRKRWTAISMPAILIALLVLVFGGITVTDVLRV
CI FLA	VILVGAFAESNSGGDVVHLALMATFKIQPVFMVASFLKARWTNQENILL VILVGAFAESNSGGDVVHLALMATFKIQPVFMVASFLKARWTNQENILL
CI FLA	MLAAVFFQMAVHDARQILLWEIPDVLSLAVAWMILRAITFTTTSNVVVP MLAAVFFQMAVHDARQILLWEIPDVLSLAVAWMILRAITFTTTSNVVVP
CI FLA	LLALLTPRLRCLNLDVYRIILLMVGTIGSLIREKRSAPAKKKGASLLCLAL LLALLTPGLRCLNLDVYRIILLMVGTIGSLIREKRSAPAKKKGASLLCLAL
	NS2B
CI FLA	ASTGLFNPMILAGLIACDPNKRKGWPATEVMTAVGLMFAIVGGLAELOI ASTGLFNPMILAGLIACDPNKRKGWPATEVMTAVGLMFAIVGGLAELOI
CI FLA	DSMAIPMTIAGLMFAAFVISGKSTDMWIERTADISWESDAEITGSSSERVD DSMAIPMTIAGLMFAAFVISGKSTDMWIERTADISWESDAEITGSSSERVD
CI	VRLLDDGENFQLMNDPGAPWKIWMMLRMVCLAISAYTPWAILPSVVGFWITL

FIGURE 1B

FLA	VRLDDGNGFQLMNDPGAPWKIWMLRMVCLAISAYTPWAILPSVVGFWITL
	NS3
CI FLA	QYTKRGGVLWDTPSPKEYKKGDITTCVYRIMTRGLLGSYQAGAGVMVEGV QYTKRGGVLWDTPSPKEYKKGDITTCVYRIMTRGLLGSYQAGAGVMVEGV
CI FLA	FHTLWHTTKGAALMSGEGRLDPYNGSVKEDRLCYGGPWKLQHKWNGQDEV FHTLWHTTKGAALMSGEGRLDPYNGSVKEDRLCYGGPWKLQHKWNGQDEV
CI FLA	QMIIVVEPGKNVKNVQTKPGVFKTPEGEIGAVTLDFPTGTSGSPIVDKNGD QMIIVVEPGKNVKNVQTKPGVFKTPEGEIGAVTLDFPTGTSGSPIVDKNGD
CI FLA	VIGLYCNGVIMPNGSYISAIVQGERMDEPIFAGFEPEMLRKKQITVLDLH VIGLYCNGVIMPNGSYISAIVQGERMDEPIFAGFEPEMLRKKQITVLDLH
CI FLA	PGAGKTRRILPQIIKEAINRRLRTAVLAPTRVVAEAEALRGLPIRYQT PGAGKTRRILPQIIKEAINRRLRTAVLAPTRVVAEAEALRGLPIRYQT
CI FLA	SAVPREHNGNEIVDMCHATLTHRLMSPHRVPNYNLFVMDERHFTDPASI SAVPREHNGNEIVDMCHATLTHRLMSPHRVPNYNLFVMDERHFTDPASI
CI FLA	AARGYISTKVELGEAAAFMTATPPGTSDFPESNSFISDLQTEIPORAW AARGYISTKVELGEAAAFMTATPPGTSDFPESNSFISDLQTEIPORAW
CI FLA	NSGYEWITEYTGKTWVFPVSVKMGNEIALCLQRAGKKVVQLNRKSYETEV NSGYEWITEYTGKTWVFPVSVKMGNEIALCLQRAGKKVVQLNRKSYETEV
CI FLA	PKCKNDDWDFVITTDISEMGANFKASRVIDSRKSVKPTIITEGEGRVILG PKCKNDDWDFVITTDISEMGANFKASRVIDSRKSVKPTIITEGEGRVILG
CI FLA	EPSAVTAASAAQRRGRIGRNPSQVGDEYCYGGHTNEDDSNFAHWTEARIM EPSAVTAASAAQRRGRIGRNPSQVGDEYCYGGHTNEDDSNFAHWTEARIM
CI FLA	PDNINMPNGLIAQFYQPEREKVYTMGEYRLRGEERKNFLELLRTRADLPV LDNINMPNGLIAQFYQPEREKVYTMGEYRLRGEERKNFLELLRTRADLPV
CI FLA	WLAYKVAAGVSYHRRWCDFGPRNTILEDNNEVEVITKLGERKILRPR WLAYKVAAGVSYHRRWCDFGPRNTILEDNNEVEVITKLGERKILRPR
CI FLA	NS4A WIDARVYSDHQALKAFKDFASGKRSQIGLIEVLGKMPHFHMGKTWEALOT WIDARVYSDHQALKAFKDFASGKRSQIGLIEVLGKMPHFHMGKTWEALOT
CI FLA	MYVVATAEKGGRAHRMALBELPDALQTTIALIALLSVMTMGVFFLLMQRKG MYVVATAEKGGRAHRMALBELPDALQTTIALIALLSVMTMGVFFLLMQRKG
CI	IGKIGLGGAVLGVATFFCWMMAEVPGTKIAGMLLLSLLLMIVLIPEPEKQR

FIGURE 1C

4/13

FLA	IGKIGLGGAVLGVATFFCWMAEVPGTKIAGMLLSLLLMIVLIPEPEKQR
	NS4B
CI FLA	SQTDNQLAVFLICVMTLVSAVARNEMGWLDKTKSDISSLFQGRIEVKENF SQTDNQLAVFLICVMTLVSAVARNEMGWLDKTKSDISSLFQGRIEVKENF
CI FLA	SMGEFLLDLRPATAWSLYAVTTAVLTPLLKHLITSDYINTSLTSINVQAS SMGEFLLDLRPATAWSLYAVTTAVLTPLLKHLITSDYINTSLTSINVQAS
CI FLA	ALFTLARGFPFVDVGVSALLLAGCGWQVTLTVTVTAATLLFCHYAYMVP ALFTLARGFPFVDVGVSALLLAGCGWQVTLTVTVTAATLLFCHYAYMVP
CI FLA	GWQAEAMRSAQRRTAAGIMKNAVVDGIVATDVPFLERTTPIMQKKVGQIM GWQAEAMRSAQRRTAAGIMKNAVVDGIVATDVPFLERTTPIMQKKVGQIM
CI FLA	LILVSLAAVVVNPSVKTVREAGILITAAAVTLWENGASSVWNATTAIGLC LILVSLAAVVVNPSVKTVREAGILITAAAVTLWENGASSVWNATTAIGLC
	NS5
CI FLA	HIMRGGWLSCLSIITWTLIKMEKPGCLKRGGAQRTLGEVWKERLNQMTKE HIMRGGWLSCLSIITWTLIKMEKPGCLKRGGAQRTLGEVWKERLNQMTKE
CI FLA	EFTYRKEAIIIVDRSAAKHARKEGNVTGGHSVSRGTAKLRWLVERRFLE EFTYRKEAIIIVDRSAAKHARKEGNVTGGHPVSRGTAKLRWLVERRFLE
CI FLA	PVGKVIDLGCGRGWCYYMATQKRVQEVVRYTKGGPGHEEPQLVQSYGWN PVGKVIDLGCGRGWCYYMATQKRVQEVVRYTKGGPGHEEPQLVQSYGWN
CI FLA	IVTMKSGVDVFYRPSGCCDTLLCDIGESSSSAEVEEHRITRVLEMVEDWL IVTMKSGVDVFYRPSGCCDTLLCDIGESSSSAEVEEHRITRVLEMVEDWL
CI FLA	HRGPREFCVKVLCPYMPKVIKMEQLLQRRYGGGLVRNPLSRNSTHEMYWV HRGPREFCVKVLCPYMPKVIKMEQLLQRRYGGGLVRNPLSRNSTHEMYWV
CI FLA	SRASGNVHVSVMNTSQVLLGRMEKRTWKGPQYEEEDVNLGSCTRAVGKPLL SRASGNVHVSVMNTSQVLLGRMEKRTWKGPQYEEEDVNLGSCTRAVGKPLL
CI FLA	NSDTSKINNRIERLRRYSSTWHHDENHPYRTWNYHGSYDVNKTGSASSL NSDTSKIKNRIERLRRYSSTWHHDENHPYRTWNYHGSYDVNKTGSASSL
CI FLA	VNGVVRLLSKPWTITNVTMMAMTDTTFFGQQRVFKKVDTKAPEPPFGA VNGVVRLLSKPWTITNVTMMAMTDTTFFGQQRVFKKVDTKAPEPPFGV
CI FLA	KYVLNETTNWLWAFIAREKRPDMCSREEFTIRKVNNSNAALGAMFEEQNQWR KYVLNETTNWLWAFIAREKRPDMCSREEFTIRKVNNSNAALGAMFEEQNQWR
CI	SAREAVEDPKFWEVDEEREHLRGECHTCIYNMMGKREKKPGGFGKAKG

FIGURE 1D

5/13

FLA	SAREAVEDPKFWEMVDEEREAREHLRGECHTCIYNMMGKREKKPGEFGKAKG
CI	SRAIWFMWLGARFLEFEALGFLNEDHWLGRKNSGGGVEGLGLQKLGYLIR
FLA	SRAIWFMWLGARFLEFEALGFLNEDHWLGRKNSGGGVEGLGLQKLGYLIR
CI	EVGTRPGGKIYADDTAGWDTRITRADLENEAKVLELLDGEHRRLARAIIE
FLA	EVGTRPGGKIYADDTAGWDTRITRADLENEAKVLELLDGEHRRLARAIIE
CI	LTYRHKVVKVMRPAADGRTVMDVISREDQRGSGQVVTYALNTFTNLAVQL
FLA	LTYRHKVVKVMRPAADGRTVMDVISREDQRGSGQVVTYALNTFTNLAVQL
CI	VRMMEGEGVIGPDDVEKLTGKGKPKVRTWLFENGEERLSRMAVSGDDCVV
FLA	VRMMEGEGVIGPDDVEKLTGKGKPKVRTWLFENGEERLSRMAVSGDDCVV
CI	KPLDDRFATSLHFLNAMSKVRKDIQEWKPSTGWYDWQQVPFCSNHFTELI
FLA	KPLDDRFATSLHFLNAMSKVRKDIQEWKPSTGWYDWQQVPFCSNHFTELI
CI	MKDGRITLVVPCRGQDELVGRARISPGAGWNVRDTACLAKSYAQMWWLLLYF
FLA	MKDGRITLVVPCRGQDELVGRARISPGAGWNVRDTACLAKSYAQMWWLLLYF
CI	HRRDLRLMANAICSAPVFNWVPTGRTTWSIHAGGEWMTTEDMLEVWNRVW
FLA	HRRDLRLMANAICSAPVFNWVPTGRTTWSIHAGGEWMTTEDMLEVWNRVW
CI	IEENEWMEDKTPVEKWSQVPYSGKREDIWCGSLIGTRAPATWAENIQVAI
FLA	IEENEWMEDKTPVEKWSQVPYSGKREDIWCGSLIGTRAPATWAENIQVAI
CI	NQVRAIIGDEKYVDYMSSLKRYEDTTLVEDTVL
FLA	NQVRAIIGDEKYVDYMSSLKRYEDTTLVEDTVL

FIGURE 1E

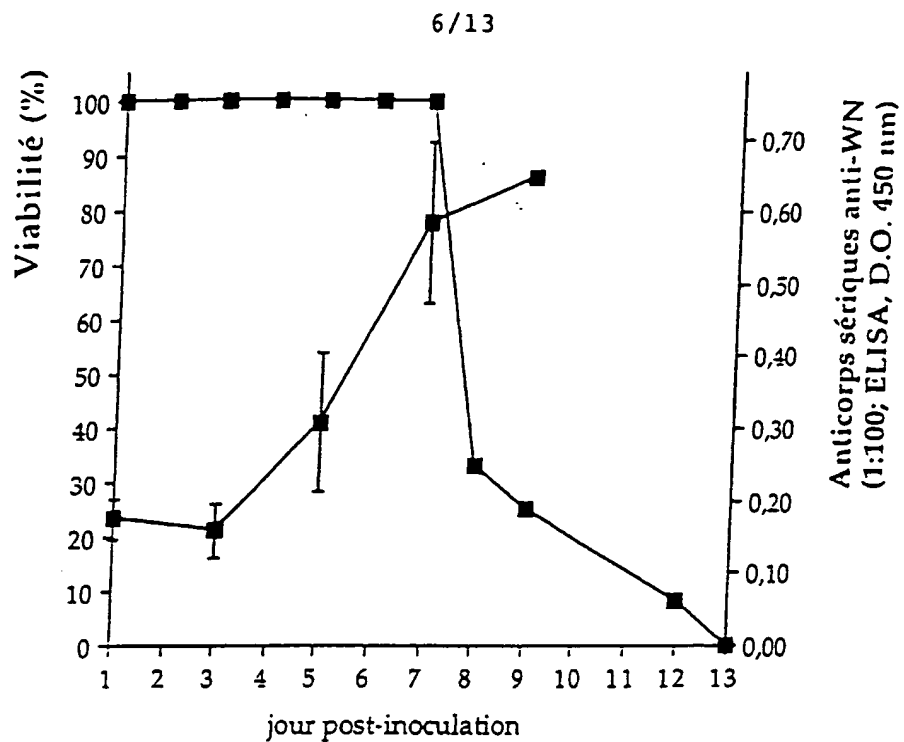


FIGURE 2

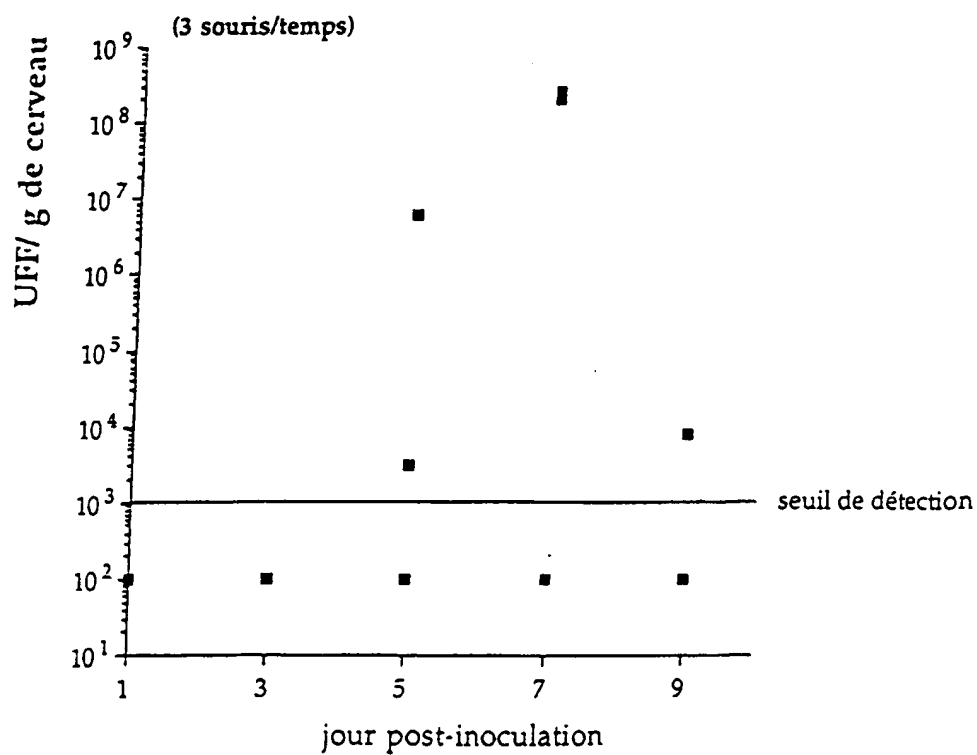


FIGURE 3

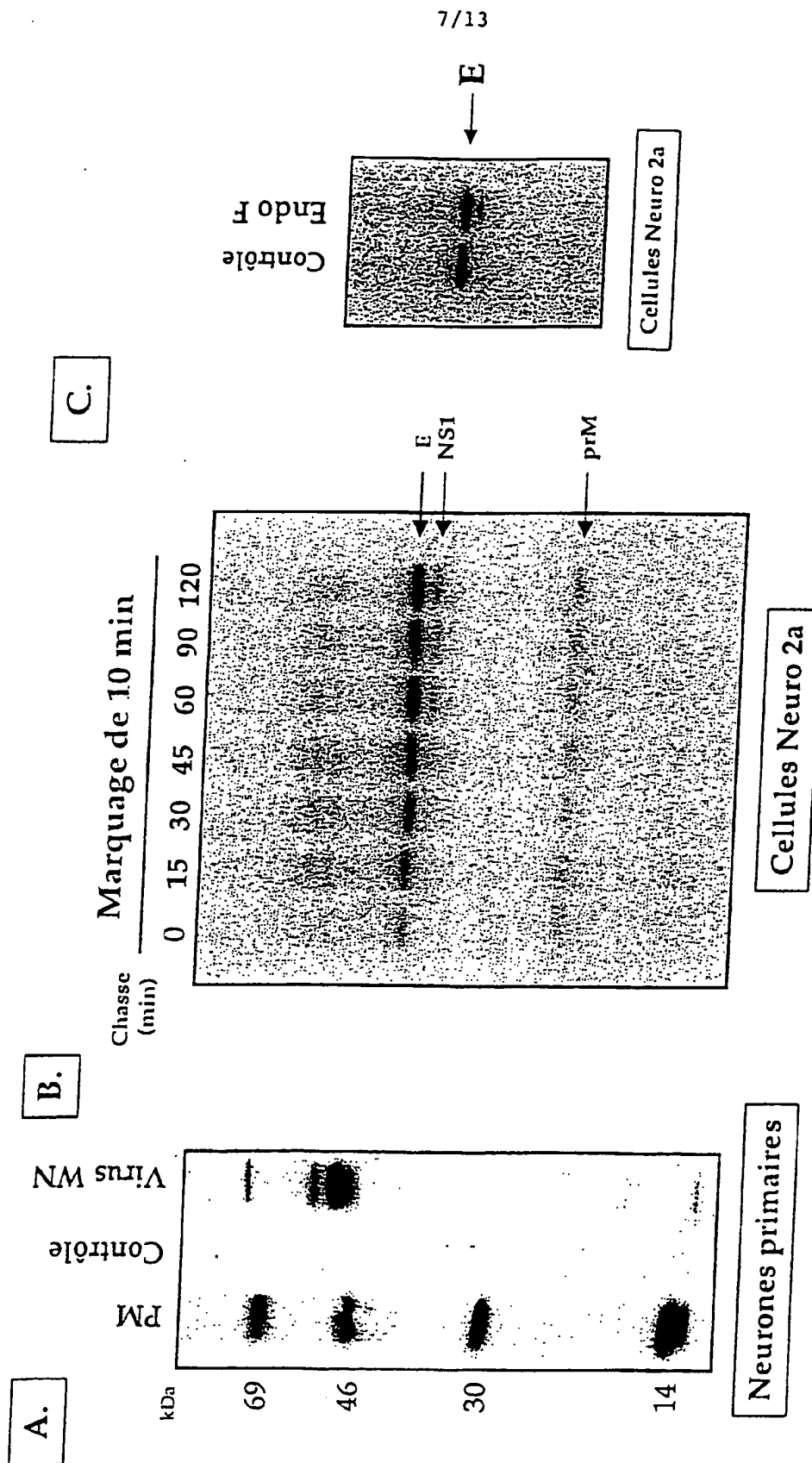
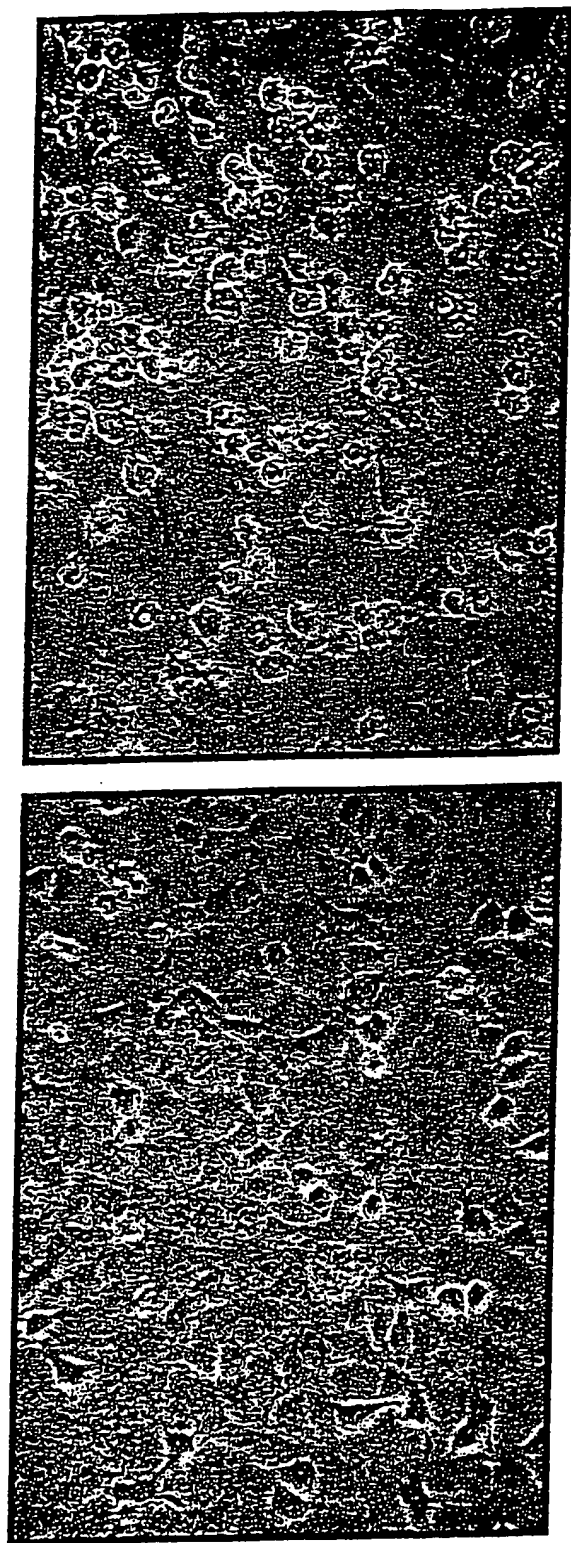


FIGURE 4



Souche IS-98-ST1 (m.i. de 4)
24 h d 'infection

Contrôle

FIGURE 5

9/13

Souris

Lignées consanguines de laboratoire :

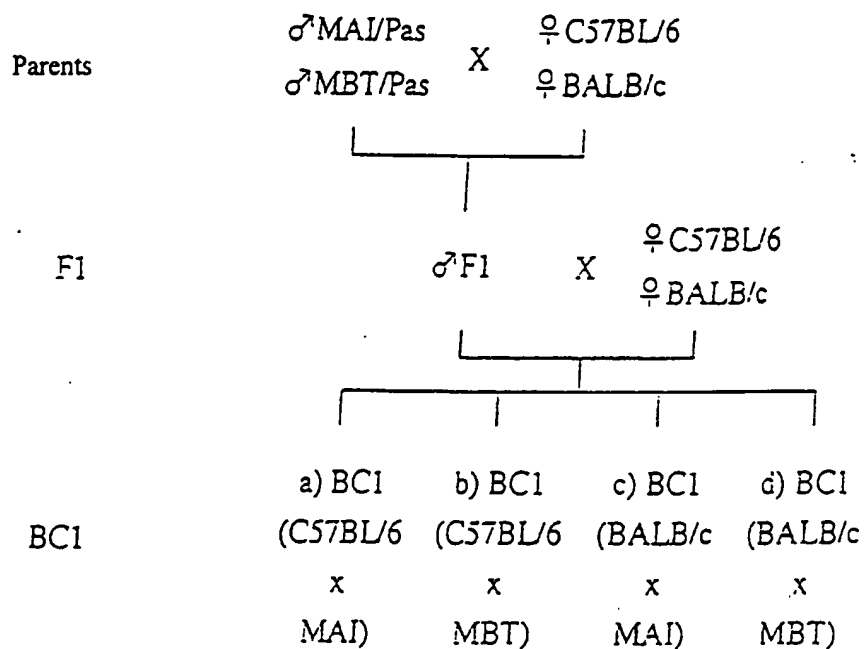
BALB/c, C57BL/6, DDK, 129, C3H et DBA/1

→ sensibles à l'infection par le virus WN

Souris sauvages :

SEG/Pas (*Mus spretus*), MAI/Pas, MBT/Pas (*Mus m. musculus*)

→ résistantes à l'infection par le virus WN

Génération de souris de premier croisement en retour (BC1)**Virus**

Injection du virus West Nile (WN)

Souris âgées de 5 semaines

Observation des souris pendant les 14 jours suivant l'infection

Génotypage des allèles *F/v*marqueurs flanquant le locus *F/v* sur le chromosome 5 de la souris

FIGURE 6

10/13

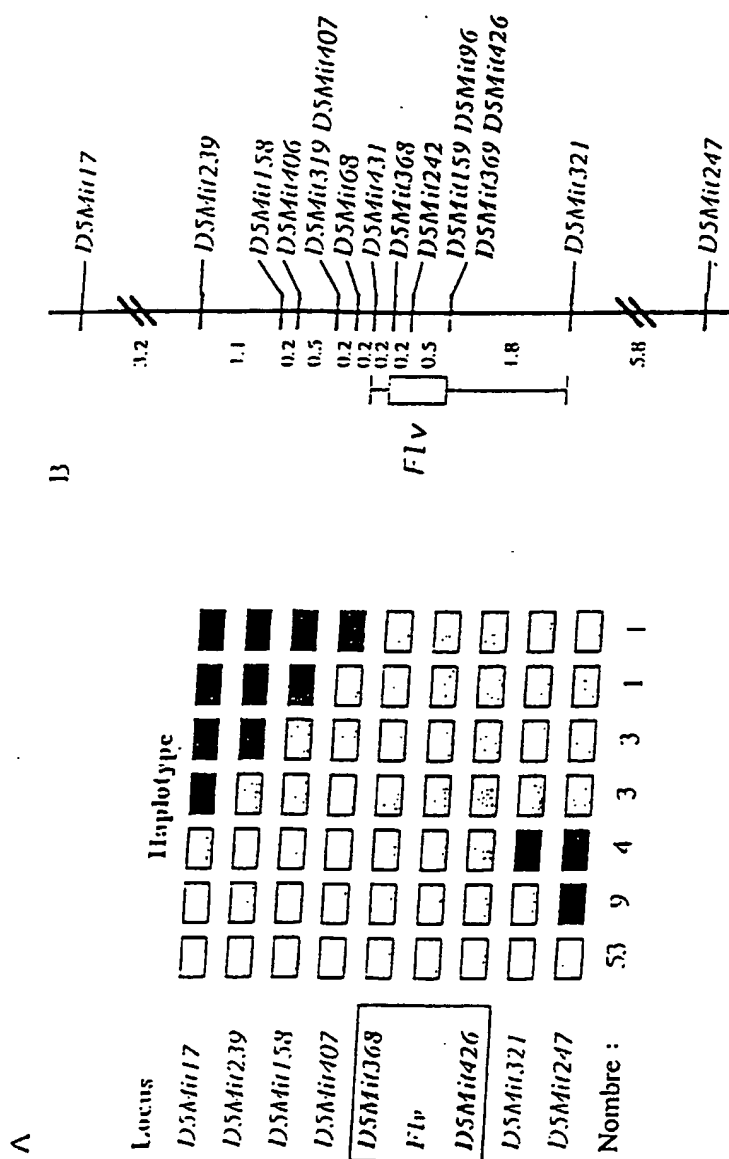


FIGURE 7

11/13

Parents de la génération de premier croisement en retour (BC1)

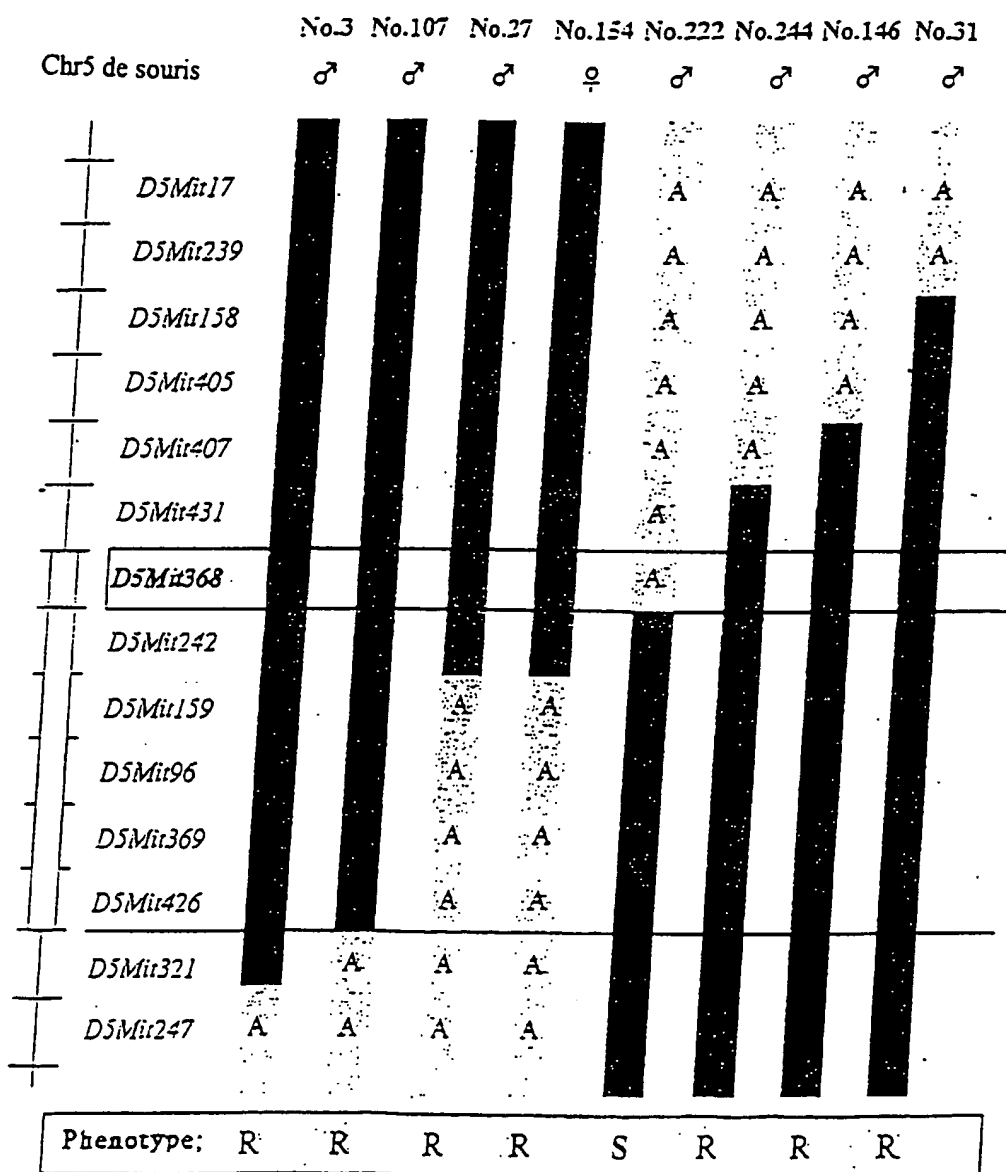


FIGURE 8

12/13

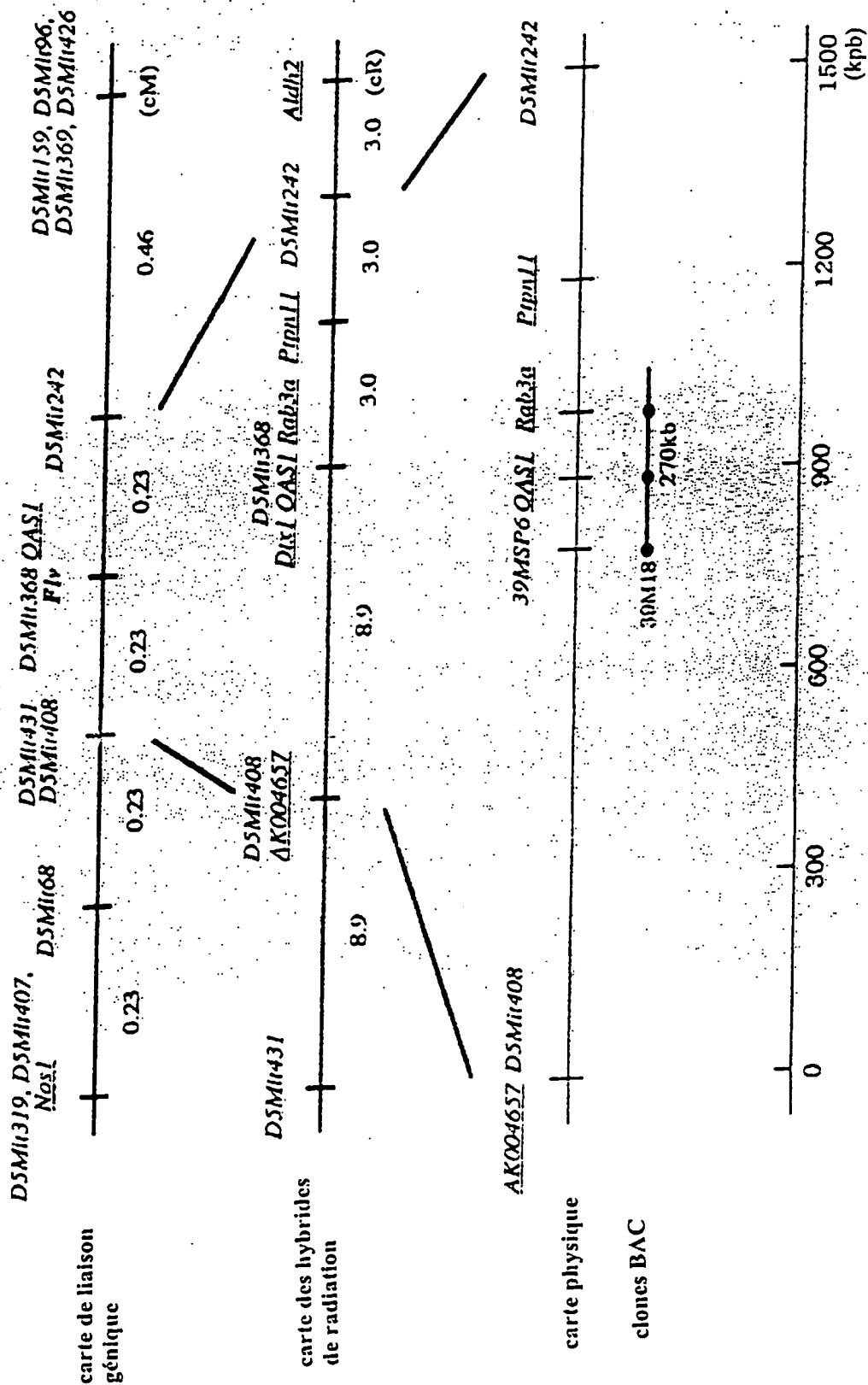


FIGURE 9

Phénotype <i>Flv</i> *	Survivants	Morts	Total
Résistant (<i>Flv</i> ^r / <i>Flv</i> ^r)	108	0	108 (55%)
Sensible (<i>Flv</i> ^s / <i>Flv</i> ^s)	21	74	95 (45%)
Total	129 (66%)	74 (34%)	203

* un allèle *Flv*^r est suffisant pour conférer la résistance

Figure 10

LISTE DE SEQUENCES

<110> INSTITUT PASTEUR
 KIMRON VETERINARY INSTITUTE
 DESPRES Philippe
 DEUBEL Vincent
 GUENET Jean-Louis
 DROUET Marie-Thérèse
 MALKINSON Mertyn
 BANET Caroline
 FRENKIEL Marie-Pascale
 COURAGEOT Marie-Pierre
 COULILABY Fasséli
 CATTEAU Adeline
 FLAMAND Marie
 WEBER Patrick
 CECCALDI Pierre-Emmanuel

<120> SOUCHE NEUROVIRULENTE DU VIRUS WEST NILE ET SES
 APPLICATIONS

<130> 226CAS93EXT

<140>

<141>

<160> 11

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 11029

<212> ARN

<213> Flavivirus sp.

<220>

<221> CDS

<222> (97)..(10395)

<400> 1

```

agtagttcgc ctgtgtgagc tgacaaactt agtagtggtt gtgaggatta acaacaatta 60
acacagtgcg agctgtttct tagcacgaag atctcg atg tct aag aaa cca gga 114
                               Met Ser Lys Lys Pro Gly
                               1           5

ggg ccc ggc aag agc cgg gct gtc aat atg cta aaa cgc gga atg ccc 162
Gly Pro Gly Lys Ser Arg Ala Val Asn Met Leu Lys Arg Gly Met Pro
          10           15           20

cgc gtg ttg tcc ttg att gga ctg aag agg gct atg ttg agc ctg atc 210
Arg Val Leu Ser Leu Ile Gly Leu Lys Arg Ala Met Leu Ser Leu Ile
          25           30           35

gac ggc aag ggg cca ata cga ttt gtg ttg gct ctc ttg gcg ttc ttc 258
Asp Gly Lys Gly Pro Ile Arg Phe Val Leu Ala Leu Leu Ala Phe Phe
          40           45           50

agg ttc aca gca att gct ccg acc cga gca gtg ctg gat cga tgg aga 306
Arg Phe Thr Ala Ile Ala Pro Thr Arg Ala Val Leu Asp Arg Trp Arg
          55           60           65           70

```

ggt gtg aat aaa caa aca gcg atg aaa cac ctt ctg agt ttt aag aag 354
 Gly Val Asn Lys Gln Thr Ala Met Lys His Leu Leu Ser Phe Lys Lys
 75 80 85

gaa cta ggg acc ttg acc agt gct atc aat cgg cgg agc tca aaa caa 402
 Glu Leu Gly Thr Leu Thr Ser Ala Ile Asn Arg Arg Ser Ser Lys Gln
 90 95 100

aag aaa aga gga gga aag acc gga att gca gtc atg att ggc ctg atc 450
 Lys Lys Arg Gly Gly Lys Thr Gly Ile Ala Val Met Ile Gly Leu Ile
 105 110 115

gcc agc gta gga gca gtt acc ctc tct aac ttc caa ggg aag gtg atg 498
 Ala Ser Val Gly Ala Val Thr Leu Ser Asn Phe Gln Gly Lys Val Met
 120 125 130

atg acg gta aat gct act gac gtc aca gat gtc atc acg att cca aca 546
 Met Thr Val Asn Ala Thr Asp Val Thr Asp Val Ile Thr Ile Pro Thr
 135 140 145 150

gct gct gga aag aac cta tgc att gtc aga gca atg gat gtg gga tac 594
 Ala Ala Gly Lys Asn Leu Cys Ile Val Arg Ala Met Asp Val Gly Tyr
 155 160 165

atg tgc gat gat act atc act tat gaa tgc cca gtg ctg tcg gct ggt 642
 Met Cys Asp Asp Thr Ile Thr Tyr Glu Cys Pro Val Leu Ser Ala Gly
 170 175 180

aat gat cca gaa gac atc gac tgt tgg tgc aca aag tca gca gtc tac 690
 Asn Asp Pro Glu Asp Ile Asp Cys Trp Cys Thr Lys Ser Ala Val Tyr
 185 190 195

gtc agg tat gga aga tgc acc aag aca cgc cac tca aga cgc agt cgg 738
 Val Arg Tyr Gly Arg Cys Thr Lys Thr Arg His Ser Arg Arg Ser Arg
 200 205 210

agg tca ctg aca gtg cag aca cac gga gaa agc act cta gcg aac aag 786
 Arg Ser Leu Thr Val Gln Thr His Gly Glu Ser Thr Leu Ala Asn Lys
 215 220 225 230

aag ggg gct tgg atg gac agc acc aag gcc aca agg tat ttg gta aaa 834
 Lys Gly Ala Trp Met Asp Ser Thr Lys Ala Thr Arg Tyr Leu Val Lys
 235 240 245

aca gaa tca tgg atc ttg agg aac cct gga tat gcc ctg gtg gca gcc 882
 Thr Glu Ser Trp Ile Leu Arg Asn Pro Gly Tyr Ala Leu Val Ala Ala
 250 255 260

gtc att ggt tgg atg ctt ggg agc aac acc atg cag aga gtt gtg ttt 930
 Val Ile Gly Trp Met Leu Gly Ser Asn Thr Met Gln Arg Val Val Phe
 265 270 275

gtc gtg cta ttg ctt ttg gtg gcc cca gct tac agc ttt aac tgc ctt 978
 Val Val Leu Leu Leu Leu Val Ala Pro Ala Tyr Ser Phe Asn Cys Leu
 280 285 290

gga atg agc aac aga gac ttc ttg gaa gga gtg tct gga gca aca tgg 1026
 Gly Met Ser Asn Arg Asp Phe Leu Glu Gly Val Ser Gly Ala Thr Trp
 295 300 305 310

gtg gat ttg gtt ctc gaa ggc gac agc tgc gtg act atc atg tct aag	1074
Val Asp Leu Val Leu Glu Gly Asp Ser Cys Val Thr Ile Met Ser Lys	
315 320 325	
gac aag cct acc atc gat gtg aag atg atg aat atg gag gcg gcc aac	1122
Asp Lys Pro Thr Ile Asp Val Lys Met Met Asn Met Glu Ala Ala Asn	
330 335 340	
ctg gca gag gtc cgc agt tat tgc tat ttg gct acc gtc agc gat ctc	1170
Leu Ala Glu Val Arg Ser Tyr Cys Tyr Leu Ala Thr Val Ser Asp Leu	
345 350 355	
tcc acc aaa gct gcg tgc ccg acc atg gga gaa gct cac aat gac aaa	1218
Ser Thr Lys Ala Ala Cys Pro Thr Met Gly Glu Ala His Asn Asp Lys	
360 365 370	
cgt gct gac cca gct ttt gtg tgc aga caa gga gtg gtg gac agg ggc	1266
Arg Ala Asp Pro Ala Phe Val Cys Arg Gln Gly Val Val Asp Arg Gly	
375 380 385 390	
ttg ggc aac ggc tgc gga cta ttt ggc aaa gga agc att gac aca tgc	1314
Trp Gly Asn Gly Cys Gly Leu Phe Gly Lys Gly Ser Ile Asp Thr Cys	
395 400 405	
gcc aaa ttt gcc tgc tct acc aag gca ata gga aga acc atc ttg aaa	1362
Ala Lys Phe Ala Cys Ser Thr Lys Ala Ile Gly Arg Thr Ile Leu Lys	
410 415 420	
gag aat atc aag tac gaa gtg gcc att ttt gtc cat gga cca act act	1410
Glu Asn Ile Lys Tyr Glu Val Ala Ile Phe Val His Gly Pro Thr Thr	
425 430 435	
gtg gag tcg cac gga aac tac tcc aca cag gtt gga gcc act cag gca	1458
Val Glu Ser His Gly Asn Tyr Ser Thr Gln Val Gly Ala Thr Gln Ala	
440 445 450	
ggg aga ttc agc atc act cct gcg gcg cct tca tac aca cta aag ctt	1506
Gly Arg Phe Ser Ile Thr Pro Ala Ala Pro Ser Tyr Thr Leu Lys Leu	
455 460 465 470	
gga gaa tat gga gag gtg aca gtg gac tgt gaa cca cgg tca ggg att	1554
Gly Glu Tyr Gly Glu Val Thr Val Asp Cys Glu Pro Arg Ser Gly Ile	
475 480 485	
gac acc aat gca tac tac gtg atg act gtt gga aca aag acg ttc ttg	1602
Asp Thr Asn Ala Tyr Tyr Val Met Thr Val Gly Thr Lys Thr Phe Leu	
490 495 500	
gtc cat cgt gag tgg ttc atg gac ctc aac ctc cct tgg agc agt gct	1650
Val His Arg Glu Trp Phe Met Asp Leu Asn Leu Pro Trp Ser Ser Ala	
505 510 515	
gga agt act gtg tgg agg aac aga gag acg tta atg gag ttt gag gaa	1698
Gly Ser Thr Val Trp Arg Asn Arg Glu Thr Leu Met Glu Phe Glu Glu	
520 525 530	
cca cac gcc acg aag cag tct gtg ata gca ttg ggc tca caa gag gga	1746
Pro His Ala Thr Lys Gln Ser Val Ile Ala Leu Gly Ser Gln Glu Gly	
535 540 545 550	

gct ctg cat caa gct ttg gct gga gcc att cct gtg gaa ttt tca agc	1794
Ala Leu His Gln Ala Leu Ala Gly Ala Ile Pro Val Glu Phe Ser Ser	
555 560 565	
aac act gtc aag ttg acg tcg ggt cat ttg aag tgt aga gtg aag atg	1842
Asn Thr Val Lys Leu Thr Ser Gly His Leu Lys Cys Arg Val Lys Met	
570 575 580	
gaa aaa ttg cag ttg aag gga aca acc tat ggc gtc tgt tca aag gct	1890
Glu Lys Leu Gln Leu Lys Gly Thr Tyr Gly Val Cys Ser Lys Ala	
585 590 595	
ttc aag ttt ctt ggg act ccc gca gac aca ggt cac ggc act gtg gtg	1938
Phe Lys Phe Leu Gly Thr Pro Ala Asp Thr Gly His Gly Thr Val Val	
600 605 610	
ttg gaa ttg cag tac act ggc acg gat gga cct tgc aaa gtt cct atc	1986
Leu Glu Leu Gln Tyr Thr Gly Thr Asp Gly Pro Cys Lys Val Pro Ile	
615 620 625 630	
tcg tca gtg gct tca ttg aac gac cta acg cca gtg ggc aga ttg gtc	2034
Ser Ser Val Ala Ser Leu Asn Asp Leu Thr Pro Val Gly Arg Leu Val	
635 640 645	
act gtc aac cct ttt gtt tca gtg gcc acg gcc aac gct aag gtc ctg	2082
Thr Val Asn Pro Phe Val Ser Val Ala Thr Ala Asn Ala Lys Val Leu	
650 655 660	
att gaa ttg gaa cca ccc ttt gga gac tca tac ata gtg gtg ggc aga	2130
Ile Glu Leu Glu Pro Pro Phe Gly Asp Ser Tyr Ile Val Val Gly Arg	
665 670 675	
gga gaa caa cag att aat cac cat tgg cac aag tct gga agc agc att	2178
Gly Glu Gln Gln Ile Asn His His Trp His Lys Ser Gly Ser Ser Ile	
680 685 690	
ggc aaa gcc ttt aca acc acc ctc aaa gga gcg cag aga cta gcc gct	2226
Gly Lys Ala Phe Thr Thr Thr Leu Lys Gly Ala Gln Arg Leu Ala Ala	
695 700 705 710	
cta gga gac aca gct tgg gac ttt gga tca gtt gga ggg gtg ttc acc	2274
Leu Gly Asp Thr Ala Trp Asp Phe Gly Ser Val Gly Gly Val Phe Thr	
715 720 725	
tca gtt ggg aag gct gtc cat caa gtg ttc gga gga gca ttc cgc tca	2322
Ser Val Gly Lys Ala Val His Gln Val Phe Gly Gly Ala Phe Arg Ser	
730 735 740	
ctg ttc gga ggc atg tcc tgg ata acg caa gga ttg ctg ggg gct ctc	2370
Leu Phe Gly Gly Met Ser Trp Ile Thr Gln Gly Leu Leu Gly Ala Leu	
745 750 755	
ctg ttg tgg atg ggc atc aat gct cgt gat agg tcc ata gct ctc acg	2418
Leu Leu Trp Met Gly Ile Asn Ala Arg Asp Arg Ser Ile Ala Leu Thr	
760 765 770	
ttt ctc gca gtt gga gga gtt ctg ctc ttc ctc tcc gtg aac gtg cac	2466
Phe Leu Ala Val Gly Gly Val Leu Leu Phe Leu Ser Val Asn Val His	
775 780 785 790	

gct gac act ggg tgt gcc ata gac atc agc cgg caa gag ctg aga tgt	2514
Ala Asp Thr Gly Cys Ala Ile Asp Ile Ser Arg Gln Glu Leu Arg Cys	
795 800 805	
gga aat gga gtg ttc ata cac aat gat gtg gag gct tgg atg gac cgg	2562
Gly Asn Gly Val Phe Ile His Asn Asp Val Glu Ala Trp Met Asp Arg	
810 815 820	
tac aag tat tac cct gaa acg cca caa ggc cta gcc aag atc att cag	2610
Tyr Lys Tyr Tyr Pro Glu Thr Pro Gln Gly Leu Ala Lys Ile Ile Gln	
825 830 835	
aaa gct cat aag gaa gga gtg tgc ggt cta cga tca gtt tcc aga ctg	2658
Lys Ala His Lys Glu Gly Val Cys Gly Leu Arg Ser Val Ser Arg Leu	
840 845 850	
gag cat caa atg tgg gaa gca gtg aag gac gag ctg aac act ctt ttg	2706
Glu His Gln Met Trp Glu Ala Val Lys Asp Glu Leu Asn Thr Leu Leu	
855 860 865 870	
aag gag aat ggt gtg gac ctt agt gtc gtg gtt gag aaa cag gag gga	2754
Lys Glu Asn Gly Val Asp Leu Ser Val Val Glu Lys Gln Glu Gly	
875 880 885	
atg tac aag tca gca cct aaa cgc ctc acc gcc acc acg gaa aaa ttg	2802
Met Tyr Lys Ser Ala Pro Lys Arg Leu Thr Ala Thr Thr Glu Lys Leu	
890 895 900	
gaa att ggc tgg aag gcc tgg gga aag agt att tta ttt gca cca gaa	2850
Glu Ile Gly Trp Lys Ala Trp Gly Lys Ser Ile Leu Phe Ala Pro Glu	
905 910 915	
ctc gcc aac aac acc ttt gtg gtt gat ggt ccg gag acc aag gaa tgt	2898
Leu Ala Asn Asn Thr Phe Val Val Asp Gly Pro Glu Thr Lys Glu Cys	
920 925 930	
ccg act cag aat cgc gct tgg aat agc tta gaa gtg gag gat ttt gga	2946
Pro Thr Gln Asn Arg Ala Trp Asn Ser Leu Glu Val Glu Asp Phe Gly	
935 940 945 950	
ttt ggt ctc acc agc act cgg atg ttc ctg aag gtc aga gag agc aac	2994
Phe Gly Leu Thr Ser Thr Arg Met Phe Leu Lys Val Arg Glu Ser Asn	
955 960 965	
aca act gaa tgt gac tcg aag atc att gga acg gct gtc aag aac aac	3042
Thr Thr Glu Cys Asp Ser Lys Ile Ile Gly Thr Ala Val Lys Asn Asn	
970 975 980	
ttg gcg atc cac agt gac ctg tcc tat tgg att gaa agc agg ctc aat	3090
Leu Ala Ile His Ser Asp Leu Ser Tyr Trp Ile Glu Ser Arg Leu Asn	
985 990 995	
gat acg tgg aag ctt gaa agg gca gtt ctg ggt gaa gtc aaa tca tgt	3138
Asp Thr Trp Lys Leu Glu Arg Ala Val Leu Gly Glu Val Lys Ser Cys	
1000 1005 1010	
acg tgg cct gag acg cat acc ttg tgg ggc gat gga atc ctt gag agt	3186
Thr Thr Pro Glu Thr His Thr Leu Trp Gly Asp Gly Ile Leu Glu Ser	
1015 1020 1025 1030	

gac ttg ata ata cca gtc aca ctg gcg gga cca cga agc aat cac aat 3234
 Asp Leu Ile Ile Pro Val Thr Leu Ala Gly Pro Arg Ser Asn His Asn
 1035 1040 1045

cgg aga cct ggg tac aag aca caa aac cag ggc cca tgg gac gaa ggc 3282
 Arg Arg Pro Gly Tyr Lys Thr Gln Asn Gln Gly Pro Trp Asp Glu Gly
 1050 1055 1060

cgg gta gag att gac ttc gat tac tgc cca gga act acg gtc acc ctg 3330
 Arg Val Glu Ile Asp Phe Asp Tyr Cys Pro Gly Thr Thr Val Thr Leu
 1065 1070 1075

agt gag agc tgc gga cac cgt gga cct gcc act cgc acc acc aca gag 3378
 Ser Glu Ser Cys Gly His Arg Gly Pro Ala Thr Arg Thr Thr Thr Glu
 1080 1085 1090

agc gga aag ttg ata aca gat tgg tgc tgc agg agc tgc acc tta cca 3426
 Ser Gly Lys Leu Ile Thr Asp Trp Cys Cys Arg Ser Cys Thr Leu Pro
 1095 1100 1105 1110

cca ctg cgc tac caa act gac agc ggc tgt tgg tat ggt atg gag atc 3474
 Pro Leu Arg Tyr Gln Thr Asp Ser Gly Cys Trp Tyr Gly Met Glu Ile
 1115 1120 1125

aga cca cag aga cat gat gaa aag acc ctc gtg cag tca caa gtg aat 3522
 Arg Pro Gln Arg His Asp Glu Lys Thr Leu Val Gln Ser Gln Val Asn
 1130 1135 1140

gct tat aat gct gat atg att gac cct ttt cag ttg ggc ctt ctg gtc 3570
 Ala Tyr Asn Ala Asp Met Ile Asp Pro Phe Gln Leu Gly Leu Leu Val
 1145 1150 1155

gtg ttc ttg gcc acc cag gag gtc ctt cgc aag agg tgg aca gcc aag 3618
 Val Phe Leu Ala Thr Gln Glu Val Leu Arg Lys Arg Trp Thr Ala Lys
 1160 1165 1170

atc agc atg cca gct ata ctg att gct ctg cta gtc ctg gtg ttt ggg 3666
 Ile Ser Met Pro Ala Ile Leu Ile Ala Leu Leu Val Leu Val Phe Gly
 1175 1180 1185 1190

ggc att act tac act gat gtg tta cgc tat gtc atc ttg gtg ggg gca 3714
 Gly Ile Thr Tyr Thr Asp Val Leu Arg Tyr Val Ile Leu Val Gly Ala
 1195 1200 1205

gct ttc gca gaa tct aat tcg gga gga gac gtg gta cac ttg gcg ctc 3762
 Ala Phe Ala Glu Ser Asn Ser Gly Gly Asp Val Val His Leu Ala Leu
 1210 1215 1220

atg gcg acc ttc aag ata caa cca gtg ttt atg gtg gca tcg ttt ctc 3810
 Met Ala Thr Phe Lys Ile Gln Pro Val Phe Met Val Ala Ser Phe Leu
 1225 1230 1235

aaa gcg aga tgg acc aac cag gag aac att ttg ttg atg ttg gcg gct 3858
 Lys Ala Arg Trp Thr Asn Gln Glu Asn Ile Leu Leu Met Leu Ala Ala
 1240 1245 1250

gtt ttc ttt caa atg gct tat cac gat gcc cgc caa att ctg ctc tgg 3906
 Val Phe Phe Gln Met Ala Tyr His Asp Ala Arg Gln Ile Leu Leu Trp
 1255 1260 1265 1270

gag atc cct gat gtg ttg aat tca ctg gcg gta gct tgg atg ata ctg 3954
 Glu Ile Pro Asp Val Leu Asn Ser Leu Ala Val Ala Trp Met Ile Leu
 1275 1280 1285

aga gcc ata aca ttc aca acg aca tca aat gtg gtc gtc ccg ctg cta 4002
 Arg Ala Ile Thr Phe Thr Thr Thr Ser Asn Val Val Val Pro Leu Leu
 1290 1295 1300

gcc ctg cta aca ccc cgg ctg aga tgc ttg aat ctg gat gtg tac agg 4050
 Ala Leu Leu Thr Pro Arg Leu Arg Cys Leu Asn Leu Asp Val Tyr Arg
 1305 1310 1315

ata ctg ctg ttg atg gtc gga ata ggc agc ttg atc agg gag aag agg 4098
 Ile Leu Leu Leu Met Val Gly Ile Gly Ser Leu Ile Arg Glu Lys Arg
 1320 1325 1330

agt gca gct gca aaa aag aaa gga gca agt ctg cta tgc ttg gct cta 4146
 Ser Ala Ala Ala Lys Lys Lys Gly Ala Ser Leu Leu Cys Leu Ala Leu
 1335 1340 1345 1350

gcc tca aca gga ctt ttc aac ccc atg atc ctt gct gct gga ctg att 4194
 Ala Ser Thr Gly Leu Phe Asn Pro Met Ile Leu Ala Ala Gly Leu Ile
 1355 1360 1365

gca tgt gat ccc aac cgt aaa cgc gga tgg ccc gca act gaa gtg atg 4242
 Ala Cys Asp Pro Asn Arg Lys Arg Gly Trp Pro Ala Thr Glu Val Met
 1370 1375 1380

aca gct gtc ggc cta atg ttt gcc atc gtc gga ggg ctg gca gag ctt 4290
 Thr Ala Val Gly Leu Met Phe Ala Ile Val Gly Gly Leu Ala Glu Leu
 1385 1390 1395

gac att gac tcc atg gcc att cca atg act atc gcg ggg ctc atg ttt 4338
 Asp Ile Asp Ser Met Ala Ile Pro Met Thr Ile Ala Gly Leu Met Phe
 1400 1405 1410

gct gct ttc gtg att tct ggg aaa tca aca gat atg tgg att gag aga 4386
 Ala Ala Phe Val Ile Ser Gly Lys Ser Thr Asp Met Trp Ile Glu Arg
 1415 1420 1425 1430

acg gcg gac att tcc tgg gaa agt gat gca gaa att aca ggc tcg agc 4434
 Thr Ala Asp Ile Ser Trp Glu Ser Asp Ala Glu Ile Thr Gly Ser Ser
 1435 1440 1445

gaa aga gtt gat gtt cgg ctt gat gat ggt gaa aac ttc cag ctc atg 4482
 Glu Arg Val Asp Val Arg Leu Asp Asp Gly Glu Asn Phe Gln Leu Met
 1450 1455 1460

aat gat cca gga gca cct tgg aag ata tgg atg ctc aga atg gtc tgt 4530
 Asn Asp Pro Gly Ala Pro Trp Lys Ile Trp Met Leu Arg Met Val Cys
 1465 1470 1475

ctc gcg att agt gcg tac acc ccc tgg gca atc ttg ccc tca gta gtt 4578
 Leu Ala Ile Ser Ala Tyr Thr Pro Trp Ala Ile Leu Pro Ser Val Val
 1480 1485 1490

gga ttt tgg ata act ctc caa tac aca aag aga gga ggt gtg ttg tgg 4626
 Gly Phe Trp Ile Thr Leu Gln Tyr Thr Lys Arg Gly Gly Val Leu Trp
 1495 1500 1505 1510

gac act ccc tca cca aag gag tac aaa aag ggg gac acg acc acc ggc 4674
 Asp Thr Pro Ser Pro Lys Glu Tyr Lys Lys Gly Asp Thr Thr Thr Gly
 1515 1520 1525

gtc tac agg atc atg act cgt ggg ctg ctc ggc agt tat caa gca gga 4722
 Val Tyr Arg Ile Met Thr Arg Gly Leu Leu Gly Ser Tyr Gln Ala Gly
 1530 1535 1540

gcg ggc gtg atg gtt gaa ggt gtt ttc cac acc ctt tgg cat aca aca 4770
 Ala Gly Val Met Val Glu Gly Val Phe His Thr Leu Trp His Thr Thr
 1545 1550 1555

aaa gga gcc gct ttg atg agc gga gag ggc cgc ctg gac cca tac tgg 4818
 Lys Gly Ala Ala Leu Met Ser Gly Glu Gly Arg Leu Asp Pro Tyr Trp
 1560 1565 1570

ggc agt gtc aag gag gat cga ctt tgt tac gga gga ccc tgg aaa ttg 4866
 Gly Ser Val Lys Glu Asp Arg Leu Cys Tyr Gly Gly Pro Trp Lys Leu
 1575 1580 1585 1590

cag cac aag tgg aac ggg cag gat gag gtg cag atg att gtg gtg gaa 4914
 Gln His Lys Trp Asn Gly Gln Asp Glu Val Gln Met Ile Val Val Glu
 1595 1600 1605

cct ggc aag aac gtt aag aac gtc cag acg aaa cca ggc gtg ttc aaa 4962
 Pro Gly Lys Asn Val Lys Asn Val Gln Thr Lys Pro Gly Val Phe Lys
 1610 1615 1620

aca cct gaa gga gaa atc ggg gcc gtg act ttg gac ttc ccc act gga 5010
 Thr Pro Glu Gly Glu Ile Gly Ala Val Thr Leu Asp Phe Pro Thr Gly
 1625 1630 1635

aca tca ggc tca cca ata gtg gac aaa aac ggt gat gtg att ggg ctt 5058
 Thr Ser Gly Ser Pro Ile Val Asp Lys Asn Gly Asp Val Ile Gly Leu
 1640 1645 1650

tat ggc aat gga gtc ata atg ccc aac ggc tca tac ata agc gcg ata 5106
 Tyr Gly Asn Gly Val Ile Met Pro Asn Gly Ser Tyr Ile Ser Ala Ile
 1655 1660 1665 1670

gtg cag ggt gaa agg atg gat gag cca atc cca gcc gga ttc gaa cct 5154
 Val Gln Gly Glu Arg Met Asp Glu Pro Ile Pro Ala Gly Phe Glu Pro
 1675 1680 1685

gag atg ctg agg aaa aaa cag atc act gta ctg gat ctc cat ccc ggc 5202
 Glu Met Leu Arg Lys Lys Gln Ile Thr Val Leu Asp Leu His Pro Gly
 1690 1695 1700

gcc ggt aaa aca agg agg att ctg cca cag atc atc aaa gag gcc ata 5250
 Ala Gly Lys Thr Arg Arg Ile Leu Pro Gln Ile Ile Lys Glu Ala Ile
 1705 1710 1715

aac aga aga ctg aga aca gcc gtg cta gca cca acc agg gtt gtg gct 5298
 Asn Arg Arg Leu Arg Thr Ala Val Leu Ala Pro Thr Arg Val Val Ala
 1720 1725 1730

gct gag atg gct gaa gca ctg aga gga ctg ccc atc cgg tac cag aca 5346
 Ala Glu Met Ala Glu Ala Leu Arg Gly Leu Pro Ile Arg Tyr Gln Thr
 1735 1740 1745 1750

tcc gca gtg ccc aga gaa cat aat gga aat gag att gtt gat gtc atg Ser Ala Val Pro Arg Glu His Asn Gly Asn Glu Ile Val Asp Val Met 1755 1760 1765	5394
tgt cat gct acc ctc acc cac agg ctg atg tct cct cac agg gtg ccg Cys His Ala Thr Leu Thr His Arg Leu Met Ser Pro His Arg Val Pro 1770 1775 1780	5442
aac tac aac ctg ttc gtg atg gat gag gct cat ttc acc gac cca gct Asn Tyr Asn Leu Phe Val Met Asp Glu Ala His Phe Thr Asp Pro Ala 1785 1790 1795	5490
agt atc gca gca aga ggt tac att tcc aca aag gtc gag cta ggg gag Ser Ile Ala Ala Arg Gly Tyr Ile Ser Thr Lys Val Glu Leu Gly Glu 1800 1805 1810	5538
gcg gcg gca ata ttc atg aca gcc acc cca cca ggc act tca gat cca Ala Ala Ala Ile Phe Met Thr Ala Thr Pro Pro Gly Thr Ser Asp Pro 1815 1820 1825 1830	5586
ttc cca gag tcc aat tca cca att tcc gac tta cag act gag atc ccg Phe Pro Glu Ser Asn Ser Pro Ile Ser Asp Leu Gln Thr Glu Ile Pro 1835 1840 1845	5634
gat cga gct tgg aac tct gga tac gaa tgg atc aca gaa tac acc ggg Asp Arg Ala Trp Asn Ser Gly Tyr Glu Trp Ile Thr Glu Tyr Thr Gly 1850 1855 1860	5682
aag acg gtt tgg ttt gtg cct agt gtc aag atg ggg aat gag att gcc Lys Thr Val Trp Phe Val Pro Ser Val Lys Met Gly Asn Glu Ile Ala 1865 1870 1875	5730
ctt tgc cta caa cgt gct gga aag aaa gta gtc caa ttg aac aga aag Leu Cys Leu Gln Arg Ala Gly Lys Lys Val Val Gln Leu Asn Arg Lys 1880 1885 1890	5778
tcg tac gag acg gag tac cca aaa tgt aag aac gat gat tgg gac ttt Ser Tyr Glu Thr Glu Tyr Pro Lys Cys Lys Asn Asp Asp Trp Asp Phe 1895 1900 1905 1910	5826
gtt atc aca aca gac ata tct gaa atg ggg gct aac ttc aag gcg agc Val Ile Thr Thr Asp Ile Ser Glu Met Gly Ala Asn Phe Lys Ala Ser 1915 1920 1925	5874
agg gtg att gac agc cgg aag agt gtg aaa cca acc atc ata aca gaa Arg Val Ile Asp Ser Arg Lys Ser Val Lys Pro Thr Ile Ile Thr Glu 1930 1935 1940	5922
gga gaa ggg aga gtg atc ctg gga gaa cca tct gca gtg aca gca gct Gly Glu Gly Arg Val Ile Leu Gly Glu Pro Ser Ala Val Thr Ala Ala 1945 1950 1955	5970
agt gcc gcc cag aga cgt gga cgt atc ggt aga aat ccg tcg caa gtt Ser Ala Ala Gln Arg Arg Gly Arg Ile Gly Arg Asn Pro Ser Gln Val 1960 1965 1970	6018
ggt gat gag tac tgt tat ggg ggg cac acg aat gaa gac gac tcg aac Gly Asp Glu Tyr Cys Tyr Gly Gly His Thr Asn Glu Asp Asp Ser Asn 1975 1980 1985 1990	6066

ttc gcc cat tgg act gag gca cga atc atg ccg gac aac atc aac atg Phe Ala His Trp Thr Glu Ala Arg Ile Met Pro Asp Asn Ile Asn Met 1995 2000 2005	6114
cca aac gga ctg atc gct caa ttc tac caa cca gag cgt gag aag gta Pro Asn Gly Leu Ile Ala Gln Phe Tyr Gln Pro Glu Arg Glu Lys Val 2010 2015 2020	6162
tat acc atg gag ggg gaa tac cgg ctc aga gga gaa gag agg aaa aac Tyr Thr Met Glu Gly Glu Tyr Arg Leu Arg Gly Glu Glu Arg Lys Asn 2025 2030 2035	6210
ttt ctg gaa ctg ttg agg act gca gat ctg cca gtt tgg ctg gct tac Phe Leu Glu Leu Leu Arg Thr Ala Asp Leu Pro Val Trp Leu Ala Tyr 2040 2045 2050	6258
aag gtt gca gcg gct gga gtg tca tac cac gac cgg agg tgg tgc ttt Lys Val Ala Ala Ala Gly Val Ser Tyr His Asp Arg Arg Trp Cys Phe 2055 2060 2065 2070	6306
gat ggt cct agg aca aac aca att tta gaa gac aac aac gaa gtg gaa Asp Gly Pro Arg Thr Asn Thr Ile Leu Glu Asp Asn Asn Glu Val Glu 2075 2080 2085	6354
gtc atc acg aag ctt ggt gaa agg aag att ctg agg ccg cgc tgg att Val Ile Thr Lys Leu Gly Glu Arg Lys Ile Leu Arg Pro Arg Trp Ile 2090 2095 2100	6402
gac gcc agg gtg tac tcg gat cac cag gca cta aag gcg ttc aag gac Asp Ala Arg Val Tyr Ser Asp His Gln Ala Leu Lys Ala Phe Lys Asp 2105 2110 2115	6450
ttc gcc tcg gga aaa cgt tct cag ata ggg ctc att gag gtt ctg gga Phe Ala Ser Gly Lys Arg Ser Gln Ile Gly Leu Ile Glu Val Leu Gly 2120 2125 2130	6498
aag atg cct gag cac ttc atg ggg aag aca tgg gaa gca ctt gac acc Lys Met Pro Glu His Phe Met Gly Lys Thr Trp Glu Ala Leu Asp Thr 2135 2140 2145 2150	6546
atg tac gtt gtg gcc act gca gag aaa gga gga aga gct cac aga atg Met Tyr Val Val Ala Thr Ala Glu Lys Gly Gly Arg Ala His Arg Met 2155 2160 2165	6594
gcc ctg gag gaa ctg cca gat gct ctt cag aca att gcc ttg att gcc Ala Leu Glu Glu Leu Pro Asp Ala Leu Gln Thr Ile Ala Leu Ile Ala 2170 2175 2180	6642
tta ttg agt gtg atg acc atg gga gta ttc ttc ctc ctc atg cag cgg Leu Leu Ser Val Met Thr Met Gly Val Phe Phe Leu Leu Met Gln Arg 2185 2190 2195	6690
aag ggc att gga aag ata ggt ttg gga ggc gct gtc ttg gga gtc gcg Lys Gly Ile Gly Lys Ile Gly Leu Gly Gly Ala Val Leu Gly Val Ala 2200 2205 2210	6738
acc ttt ttc tgt tgg atg gct gaa gtt cca gga acg aag atc gcc gga Thr Phe Phe Cys Trp Met Ala Glu Val Pro Gly Thr Lys Ile Ala Gly 2215 2220 2225 2230	6786

atg ttg ctg ctc tcc ctt ctc ttg atg att gtg cta att cct gag cca Met Leu Leu Leu Ser Leu Leu Leu Met Ile Val Leu Ile Pro Glu Pro 2235 2240 2245	6834
gag aag caa cgt tcg cag aca gac aac cag cta gcc gtg ttc ctg att Glu Lys Gln Arg Ser Gln Thr Asp Asn Gln Leu Ala Val Phe Leu Ile 2250 2255 2260	6882
tgt gtc atg acc ctt gtg agc gca gtg gca gcc aac gag atg ggt tgg Cys Val Met Thr Leu Val Ser Ala Val Ala Ala Asn Glu Met Gly Trp 2265 2270 2275	6930
cta gac aag acc aag agt gac ata agc agt ttg ttt ggg caa aga att Leu Asp Lys Thr Lys Ser Asp Ile Ser Ser Leu Phe Gly Gln Arg Ile 2280 2285 2290	6978
gag gtc aag gag aat ttc agc atg gga gag ttt ctt ctg gac ttg agg Glu Val Lys Glu Asn Phe Ser Met Gly Glu Phe Leu Leu Asp Leu Arg 2295 2300 2305 2310	7026
ccg gca aca gcc tgg tca ctg tac gct gtg aca aca gcg gtc ctc act Pro Ala Thr Ala Trp Ser Leu Tyr Ala Val Thr Thr Ala Val Leu Thr 2315 2320 2325	7074
cca ctg cta aag cat ttg atc acg tca gat tac atc aac acc tca ttg Pro Leu Leu Lys His Leu Ile Thr Ser Asp Tyr Ile Asn Thr Ser Leu 2330 2335 2340	7122
acc tca ata aac gtt cag gca agt gca cta ttc aca ctc gcg cga ggc Thr Ser Ile Asn Val Gln Ala Ser Ala Leu Phe Thr Leu Ala Arg Gly 2345 2350 2355	7170
ttc ccc ttc gtc gat gtt gga gtg tcg gct ctc ctg cta gca gcc gga Phe Pro Phe Val Asp Val Gly Val Ser Ala Leu Leu Ala Ala Gly 2360 2365 2370	7218
tgc tgg gga caa gtc acc ctc acc gtt acg gta aca gcg gca aca ctc Cys Trp Gly Gln Val Thr Leu Thr Val Thr Val Thr Ala Ala Thr Leu 2375 2380 2385 2390	7266
ctt ttt tgc cac tat gcc tac atg gtt ccc ggt tgg caa gct gag gca Leu Phe Cys His Tyr Ala Tyr Met Val Pro Gly Trp Gln Ala Glu Ala 2395 2400 2405	7314
atg cgc tca gcc cag cgg cgg aca gcg gcc gga atc atg aaa aac gct Met Arg Ser Ala Gln Arg Arg Thr Ala Ala Gly Ile Met Lys Asn Ala 2410 2415 2420	7362
gta gtg gat gcc atc gtg gcc acg gac gtc cca gaa tta gag cgc acc Val Val Asp Gly Ile Val Ala Thr Asp Val Pro Glu Leu Glu Arg Thr 2425 2430 2435	7410
aca ccc atc atg cag aag aaa gtt gga cag atc atg ctg atc ttg gtg Thr Pro Ile Met Gln Lys Lys Val Gly Gln Ile Met Leu Ile Leu Val 2440 2445 2450	7458
tct cta gct gca gta gta gtg aac ccg tct gtg aag aca gta cga gaa Ser Leu Ala Ala Val Val Val Asn Pro Ser Val Lys Thr Val Arg Glu 2455 2460 2465 2470	7506

gcc gga att ttg atc acg gcc gca gcg gtg acg ctt tgg gag aat gga Ala Gly Ile Leu Ile Thr Ala Ala Ala Val Thr Leu Trp Glu Asn Gly 2475 2480 2485	7554
gca agc tct gtt tgg aac gca aca act gcc atc gga ctc tgc cac atc Ala Ser Ser Val Trp Asn Ala Thr Thr Ala Ile Gly Leu Cys His Ile 2490 2495 2500	7602
atg cgt ggg ggt tgg ttg tca tgt cta tcc ata aca tgg aca ctc ata Met Arg Gly Gly Trp Leu Ser Cys Leu Ser Ile Thr Trp Thr Leu Ile 2505 2510 2515	7650
aag aac atg gaa aaa cca gga cta aaa aga ggt ggg gca aaa gga cgc Lys Asn Met Glu Lys Pro Gly Leu Lys Arg Gly Gly Ala Lys Gly Arg 2520 2525 2530	7698
acc ttg gga gag gtt tgg aaa gaa aga ctc aac cag atg aca aaa gaa Thr Leu Gly Glu Val Trp Lys Glu Arg Leu Asn Gln Met Thr Lys Glu 2535 2540 2545 2550	7746
gag ttc act agg tac cgc aaa gag gcc atc atc gaa gtc gat cgc tca Glu Phe Thr Arg Tyr Arg Lys Glu Ala Ile Ile Glu Val Asp Arg Ser 2555 2560 2565	7794
gcg gca aaa cac gcc agg aaa gaa ggc aat gtc act gga ggg cat tca Ala Ala Lys His Ala Arg Lys Glu Gly Asn Val Thr Gly Gly His Ser 2570 2575 2580	7842
gtc tct agg ggc aca gca aaa ctg aga tgg ctg gtc gaa cgg agg ttt Val Ser Arg Gly Thr Ala Lys Leu Arg Trp Leu Val Glu Arg Arg Phe 2585 2590 2595	7890
ctc gaa ccg gtc gga aaa gtg att gac ctt gga tgt gga aga ggc ggt Leu Glu Pro Val Gly Lys Val Ile Asp Leu Gly Cys Gly Arg Gly Gly 2600 2605 2610	7938
tgg tgt tac tat atg gca acc caa aaa aga gtc caa gaa gtc aga ggg Trp Cys Tyr Tyr Met Ala Thr Gln Lys Arg Val Gln Glu Val Arg Gly 2615 2620 2625 2630	7986
tac aca aag ggc ggt ccc gga cat gaa gag ccc caa cta gtg caa agt Tyr Thr Lys Gly Gly Pro Gly His Glu Glu Pro Gln Leu Val Gln Ser 2635 2640 2645	8034
tat gga tgg aac att gtc acc atg aag agt gga gtg gat gtg ttc tac Tyr Gly Trp Asn Ile Val Thr Met Lys Ser Gly Val Asp Val Phe Tyr 2650 2655 2660	8082
aga cct tct gag tgt tgt gac acc ctc ctt tgt gac atc gga gag tcc Arg Pro Ser Glu Cys Cys Asp Thr Leu Leu Cys Asp Ile Gly Glu Ser 2665 2670 2675	8130
tcg tca agt gct gag gtt gaa gag cat agg acg att cgt gtc ctt gaa Ser Ser Ser Ala Glu Val Glu Glu His Arg Thr Ile Arg Val Leu Glu 2680 2685 2690	8178
atg gtt gag gac tgg ctg cac cga ggg cca agg gaa ttt tgc gtg aag Met Val Glu Asp Trp Leu His Arg Gly Pro Arg Glu Phe Cys Val Lys 2695 2700 2705 2710	8226

gtg ctc tgc ccc tac atg ccg aaa gtc ata gag aag atg gag ctg ctc Val Leu Cys Pro Tyr Met Pro Lys Val Ile Glu Lys Met Glu Leu Leu 2715 2720 2725	8274
caa cgc cgg tat ggg ggg gga ctg gtc aga aac cca ctc tca cgg aat Gln Arg Arg Tyr Gly Gly Gly Leu Val Arg Asn Pro Leu Ser Arg Asn 2730 2735 2740	8322
tcc acg cac gag atg tat tgg gtg agt cga gct tca ggc aat gtg gta Ser Thr His Glu Met Tyr Trp Val Ser Arg Ala Ser Gly Asn Val Val 2745 2750 2755	8370
cat tca gtg aat atg acc agc cag gtg ctc cta gga aga atg gaa aaa His Ser Val Asn Met Thr Ser Gln Val Leu Leu Gly Arg Met Glu Lys 2760 2765 2770	8418
agg acc tgg aag gga ccc caa tac gag gaa gat gta aac ttg gga agc Arg Thr Trp Lys Gly Pro Gln Tyr Glu Glu Asp Val Asn Leu Gly Ser 2775 2780 2785 2790	8466
gga acc agg gcg gtg gga aaa ccc ctg ctc aac tca gac acc agt aaa Gly Thr Arg Ala Val Gly Lys Pro Leu Leu Asn Ser Asp Thr Ser Lys 2795 2800 2805	8514
atc aac aac agg att gaa cga ctc agg cgt gag tac agt tcg acg tgg Ile Asn Asn Arg Ile Glu Arg Leu Arg Arg Glu Tyr Ser Ser Thr Trp 2810 2815 2820	8562
cac cac gat gag aac cac cca tat aga acc tgg aac tat cac ggc agt His His Asp Glu Asn His Pro Tyr Arg Thr Trp Asn Tyr His Gly Ser 2825 2830 2835	8610
tat gat gtg aag ccc aca ggc tcc gcc agt tcg ctg gtc aat gga gtg Tyr Asp Val Lys Pro Thr Gly Ser Ala Ser Ser Leu Val Asn Gly Val 2840 2845 2850	8658
gtc agg ctc ctc tca aaa cca tgg gac acc atc acg aat gtt acc acc Val Arg Leu Leu Ser Lys Pro Trp Asp Thr Ile Thr Asn Val Thr Thr 2855 2860 2865 2870	8706
atg gcc atg act gac act act ccc ttc ggg cag cag cga gtg ttc aaa Met Ala Met Thr Asp Thr Pro Phe Gly Gln Gln Arg Val Phe Lys 2875 2880 2885	8754
gag aag gtg gac acg aaa gct cct gaa ccg cca gaa gga gcg aag tac Glu Lys Val Asp Thr Lys Ala Pro Glu Pro Pro Glu Gly Ala Lys Tyr 2890 2895 2900	8802
gtg ctc aac gag acc acc aac tgg ttg tgg gcg ttt ttg gcc aga gaa Val Leu Asn Glu Thr Thr Asn Trp Leu Trp Ala Phe Leu Ala Arg Glu 2905 2910 2915	8850
aaa cgt ccc aga atg tgc tct cga gag gaa ttc ata aga aag gtc aac Lys Arg Pro Arg Met Cys Ser Arg Glu Glu Phe Ile Arg Lys Val Asn 2920 2925 2930	8898
agc aat gca gct ttg ggt gcc atg ttt gaa gag cag aat caa tgg agg Ser Asn Ala Ala Leu Gly Ala Met Phe Glu Glu Gln Asn Gln Trp Arg 2935 2940 2945 2950	8946

agc gcc aga gaa gca gtt gaa gat cca aaa ttt tgg gag atg gtg gat Ser Ala Arg Glu Ala Val Glu Asp Pro Lys Phe Trp Glu Met Val Asp 2955 2960 2965	8994
gag gag cgc gag gca cat ctg cgg ggg gaa tgt cac act tgc att tac Glu Glu Arg Glu Ala His Leu Arg Gly Glu Cys His Thr Cys Ile Tyr 2970 2975 2980	9042
aac atg atg gga aag aga gag aaa aaa ccc gga gag ttc gga aag gcc Asn Met Met Gly Lys Arg Glu Lys Lys Pro Gly Glu Phe Gly Lys Ala 2985 2990 2995	9090
aag gga agc aga gcc att tgg ttc atg tgg ctc gga gct cgc ttt ctg Lys Gly Ser Arg Ala Ile Trp Phe Met Trp Leu Gly Ala Arg Phe Leu 3000 3005 3010	9138
gag ttc gag gct ctg ggt ttt ctc aat gaa gac cac tgg ctt gga aga Glu Phe Glu Ala Leu Gly Phe Leu Asn Glu Asp His Trp Leu Gly Arg 3015 3020 3025 3030	9186
aag aac tca gga gga ggt gtc gag ggc ttg ggc ctc caa aaa ctg ggt Lys Asn Ser Gly Gly Gly Val Glu Gly Leu Gly Leu Gln Lys Leu Gly 3035 3040 3045	9234
tac atc ctg cgt gaa gtt ggc acc cgg cct ggg ggc aag atc tat gct Tyr Ile Leu Arg Glu Val Gly Thr Arg Pro Gly Gly Lys Ile Tyr Ala 3050 3055 3060	9282
gat gac aca gct ggc tgg gac acc cgc atc acg aga gct gac ttg gaa Asp Asp Thr Ala Gly Trp Asp Thr Arg Ile Thr Arg Ala Asp Leu Glu 3065 3070 3075	9330
aat gaa gct aag gtg ctt gag ctg ctt gat ggg gaa cat cgg cgt ctt Asn Glu Ala Lys Val Leu Glu Leu Leu Asp Gly Glu His Arg Arg Leu 3080 3085 3090	9378
gcc agg gcc atc att gag ctc acc tat cgt cac aaa gtt gtg aaa gtg Ala Arg Ala Ile Ile Glu Leu Thr Tyr Arg His Lys Val Val Lys Val 3095 3100 3105 3110	9426
atg cgc ccg gct gct gat gga aga acc gtc atg gat gtt atc tcc aga Met Arg Pro Ala Ala Asp Gly Arg Thr Val Met Asp Val Ile Ser Arg 3115 3120 3125	9474
gaa gat cag agg ggg agt gga caa gtt gtc acc tac gcc cta aac act Glu Asp Gln Arg Gly Ser Gly Gln Val Val Thr Tyr Ala Leu Asn Thr 3130 3135 3140	9522
ttc acc aac ctg gcc gtc cag ctg gtg agg atg atg gaa ggg gaa gga Phe Thr Asn Leu Ala Val Gln Leu Val Arg Met Met Glu Gly Glu Gly 3145 3150 3155	9570
gtg att ggc cca gat gat gtg gag aaa ctc aca aaa ggg aaa gga ccc Val Ile Gly Pro Asp Asp Val Glu Lys Leu Thr Lys Gly Lys Gly Pro 3160 3165 3170	9618
aaa gtc agg acc tgg ctg ttt gag aat ggg gaa gaa aga ctc agc cgc Lys Val Arg Thr Trp Leu Phe Glu Asn Gly Glu Glu Arg Leu Ser Arg 3175 3180 3185 3190	9666

atg gct gtc agt gga gat gac tgt gtg gta aag ccc ctg gac gat cgc Met Ala Val Ser Gly Asp Asp Cys Val Val Lys Pro Leu Asp Asp Arg 3195 3200 3205	9714
ttt gcc acc tcg ctc cac ttc ctc aat gct atg tca aag gtt cgc aaa Phe Ala Thr Ser Leu His Phe Leu Asn Ala Met Ser Lys Val Arg Lys 3210 3215 3220	9762
gac atc caa gag tgg aaa ccg tca act gga tgg tat gat tgg cag cag Asp Ile Gln Glu Trp Lys Pro Ser Thr Gly Trp Tyr Asp Trp Gln Gln 3225 3230 3235	9810
gtt cca ttt tgc tca aac cat ttc act gaa ttg atc atg aaa gat gga Val Pro Phe Cys Ser Asn His Phe Thr Glu Leu Ile Met Lys Asp Gly 3240 3245 3250	9858
aga aca ctg gtg gtt cca tgc cga gga cag gat gaa ttg gta ggc aga Arg Thr Leu Val Val Pro Cys Arg Gly Gln Asp Glu Leu Val Gly Arg 3255 3260 3265 3270	9906
gct cgc ata tct cca ggg gcc gga tgg aac gtc cgc gac act gct tgt Ala Arg Ile Ser Pro Gly Ala Gly Trp Asn Val Arg Asp Thr Ala Cys 3275 3280 3285	9954
ctg gct aag tct tat gcc cag atg tgg ctg ctt ctg tac ttc cac aga Leu Ala Lys Ser Tyr Ala Gln Met Trp Leu Leu Leu Tyr Phe His Arg 3290 3295 3300	10002
aga gac ctg cgg ctc atg gcc aac gcc att tgc tcc gct gtc cct gtg Arg Asp Leu Arg Leu Met Ala Asn Ala Ile Cys Ser Ala Val Pro Val 3305 3310 3315	10050
aat tgg gtc cct acc gga aga acc acg tgg tcc atc cat gca gga gga Asn Trp Val Pro Thr Gly Arg Thr Thr Trp Ser Ile His Ala Gly Gly 3320 3325 3330	10098
gag tgg atg aca aca gag gac atg ttg gag gtc tgg aac cgt gtt tgg Glu Trp Met Thr Thr Glu Asp Met Leu Glu Val Trp Asn Arg Val Trp 3335 3340 3345 3350	10146
ata gag gag aat gaa tgg atg gaa gac aaa acc cca gtg gag aaa tgg Ile Glu Glu Asn Glu Trp Met Glu Asp Lys Thr Pro Val Glu Lys Trp 3355 3360 3365	10194
agt gac gtc cca tat tca gga aaa cga gag gac atc tgg tgt ggc agc Ser Asp Val Pro Tyr Ser Gly Lys Arg Glu Asp Ile Trp Cys Gly Ser 3370 3375 3380	10242
ctg att ggc aca aga gcc cga gcc acg tgg gca gaa aac atc cag gtg Leu Ile Gly Thr Arg Ala Arg Ala Thr Trp Ala Glu Asn Ile Gln Val 3385 3390 3395	10290
gct atc aac caa gtc aga gca atc atc gga gat gag aag tat gtg gat Ala Ile Asn Gln Val Arg Ala Ile Ile Gly Asp Glu Lys Tyr Val Asp 3400 3405 3410	10338
tac atg agt tca cta aag aga tat gaa gac aca act ttg gtt gag gac Tyr Met Ser Ser Leu Lys Arg Tyr Glu Asp Thr Thr Leu Val Glu Asp 3415 3420 3425 3430	10386

aca gta ctg tagatattta atcaattgta aatagacaat ataagtatgc 10435
 Thr Val Leu

ataaaagtgt agttttatag tagtatttag tgggttagt gtaaatagtt aagaaaattt 10495

tgaggagaaa gtcaggccgg gaagttcccg ccaccggaag ttgagtagac ggtgctgcct 10555

gcgactcaac cccaggagga ctgggtgaac aaagccgga agtgatccat gtaagccctc 10615

agaaccgtct cggaaggagg accccacatg ttgtaacttc aaagcccaat gtcagaccac 10675

gctacggcgt gctactctgc ggagagtga gtctgcgata gtgccccagg aggactgggt 10735

taacaaaggc aaaccaacgc cccacgcggc cctagccccg gtaatggtgt taaccagggc 10795

gaaaggacta gaggttagag gagacccgc ggtttaaagt gcacggcca gcctgactga 10855

agctgtaggt caggggaagg actagaggtt agtggagacc ccgtgccaca aaacaccaca 10915

acaaaacagc atattgacac ctgggataga ctaggagatc ttctgctctg cacaaccagc 10975

cacacggcac agtgcgccga caatggtggc tgggtggtgcg agaacacagg atct 11029

<210> 2

<211> 3433

<212> PRT

<213> Flavivirus sp.

<400> 2

Met	Ser	Lys	Lys	Pro	Gly	Gly	Pro	Gly	Lys	Ser	Arg	Ala	Val	Asn	Met
1				5					10					15	
Leu	Lys	Arg	Gly	Met	Pro	Arg	Val	Leu	Ser	Leu	Ile	Gly	Leu	Lys	Arg
			20					25					30		
Ala	Met	Leu	Ser	Leu	Ile	Asp	Gly	Lys	Gly	Pro	Ile	Arg	Phe	Val	Leu
		35					40					45			
Ala	Leu	Leu	Ala	Phe	Phe	Arg	Phe	Thr	Ala	Ile	Ala	Pro	Thr	Arg	Ala
		50				55					60				
Val	Leu	Asp	Arg	Trp	Arg	Gly	Val	Asn	Lys	Gln	Thr	Ala	Met	Lys	His
	65				70				75					80	
Leu	Leu	Ser	Phe	Lys	Lys	Glu	Leu	Gly	Thr	Leu	Thr	Ser	Ala	Ile	Asn
				85				90						95	
Arg	Arg	Ser	Ser	Lys	Gln	Lys	Lys	Arg	Gly	Gly	Lys	Thr	Gly	Ile	Ala
			100					105					110		
Val	Met	Ile	Gly	Leu	Ile	Ala	Ser	Val	Gly	Ala	Val	Thr	Leu	Ser	Asn
		115					120					125			
Phe	Gln	Gly	Lys	Val	Met	Met	Thr	Val	Asn	Ala	Thr	Asp	Val	Thr	Asp
		130				135						140			
Val	Ile	Thr	Ile	Pro	Thr	Ala	Ala	Gly	Lys	Asn	Leu	Cys	Ile	Val	Arg
145					150					155				160	

Ala Met Asp Val Gly Tyr Met Cys Asp Asp Thr Ile Thr Tyr Glu Cys
 165 170 175
 Pro Val Leu Ser Ala Gly Asn Asp Pro Glu Asp Ile Asp Cys Trp Cys
 180 185 190
 Thr Lys Ser Ala Val Tyr Val Arg Tyr Gly Arg Cys Thr Lys Thr Arg
 195 200 205
 His Ser Arg Arg Ser Arg Arg Ser Leu Thr Val Gln Thr His Gly Glu
 210 215 220
 Ser Thr Leu Ala Asn Lys Lys Gly Ala Trp Met Asp Ser Thr Lys Ala
 225 230 235 240
 Thr Arg Tyr Leu Val Lys Thr Glu Ser Trp Ile Leu Arg Asn Pro Gly
 245 250 255
 Tyr Ala Leu Val Ala Ala Val Ile Gly Trp Met Leu Gly Ser Asn Thr
 260 265 270
 Met Gln Arg Val Val Phe Val Val Leu Leu Leu Leu Val Ala Pro Ala
 275 280 285
 Tyr Ser Phe Asn Cys Leu Gly Met Ser Asn Arg Asp Phe Leu Glu Gly
 290 295 300
 Val Ser Gly Ala Thr Trp Val Asp Leu Val Leu Glu Gly Asp Ser Cys
 305 310 315 320
 Val Thr Ile Met Ser Lys Asp Lys Pro Thr Ile Asp Val Lys Met Met
 325 330 335
 Asn Met Glu Ala Ala Asn Leu Ala Glu Val Arg Ser Tyr Cys Tyr Leu
 340 345 350
 Ala Thr Val Ser Asp Leu Ser Thr Lys Ala Ala Cys Pro Thr Met Gly
 355 360 365
 Glu Ala His Asn Asp Lys Arg Ala Asp Pro Ala Phe Val Cys Arg Gln
 370 375 380
 Gly Val Val Asp Arg Gly Trp Gly Asn Gly Cys Gly Leu Phe Gly Lys
 385 390 395 400
 Gly Ser Ile Asp Thr Cys Ala Lys Phe Ala Cys Ser Thr Lys Ala Ile
 405 410 415
 Gly Arg Thr Ile Leu Lys Glu Asn Ile Lys Tyr Glu Val Ala Ile Phe
 420 425 430
 Val His Gly Pro Thr Thr Val Glu Ser His Gly Asn Tyr Ser Thr Gln
 435 440 445
 Val Gly Ala Thr Gln Ala Gly Arg Phe Ser Ile Thr Pro Ala Ala Pro
 450 455 460
 Ser Tyr Thr Leu Lys Leu Gly Glu Tyr Gly Glu Val Thr Val Asp Cys
 465 470 475 480

18/29

Glu Pro Arg Ser Gly Ile Asp Thr Asn Ala Tyr Tyr Val Met Thr Val
 485 490 495

Gly Thr Lys Thr Phe Leu Val His Arg Glu Trp Phe Met Asp Leu Asn
 500 505 510

Leu Pro Trp Ser Ser Ala Gly Ser Thr Val Trp Arg Asn Arg Glu Thr
 515 520 525

Leu Met Glu Phe Glu Glu Pro His Ala Thr Lys Gln Ser Val Ile Ala
 530 535 540

Leu Gly Ser Gln Glu Gly Ala Leu His Gln Ala Leu Ala Gly Ala Ile
 545 550 555 560

Pro Val Glu Phe Ser Ser Asn Thr Val Lys Leu Thr Ser Gly His Leu
 565 570 575

Lys Cys Arg Val Lys Met Glu Lys Leu Gln Leu Lys Gly Thr Thr Tyr
 580 585 590

Gly Val Cys Ser Lys Ala Phe Lys Phe Leu Gly Thr Pro Ala Asp Thr
 595 600 605

Gly His Gly Thr Val Val Leu Glu Leu Gln Tyr Thr Gly Thr Asp Gly
 610 615 620

Pro Cys Lys Val Pro Ile Ser Ser Val Ala Ser Leu Asn Asp Leu Thr
 625 630 635 640

Pro Val Gly Arg Leu Val Thr Val Asn Pro Phe Val Ser Val Ala Thr
 645 650 655

Ala Asn Ala Lys Val Leu Ile Glu Leu Glu Pro Pro Phe Gly Asp Ser
 660 665 670

Tyr Ile Val Val Gly Arg Gly Glu Gln Gln Ile Asn His His Trp His
 675 680 685

Lys Ser Gly Ser Ser Ile Gly Lys Ala Phe Thr Thr Thr Leu Lys Gly
 690 695 700

Ala Gln Arg Leu Ala Ala Leu Gly Asp Thr Ala Trp Asp Phe Gly Ser
 705 710 715 720

Val Gly Gly Val Phe Thr Ser Val Gly Lys Ala Val His Gln Val Phe
 725 730 735

Gly Gly Ala Phe Arg Ser Leu Phe Gly Gly Met Ser Trp Ile Thr Gln
 740 745 750

Gly Leu Leu Gly Ala Leu Leu Leu Trp Met Gly Ile Asn Ala Arg Asp
 755 760 765

Arg Ser Ile Ala Leu Thr Phe Leu Ala Val Gly Gly Val Leu Leu Phe
 770 775 780

Leu Ser Val Asn Val His Ala Asp Thr Gly Cys Ala Ile Asp Ile Ser
 785 790 795 800

19/29

Arg Gln Glu Leu Arg Cys Gly Asn Gly Val Phe Ile His Asn Asp Val
 805 810 815
 Glu Ala Trp Met Asp Arg Tyr Lys Tyr Tyr Pro Glu Thr Pro Gln Gly
 820 825 830
 Leu Ala Lys Ile Ile Gln Lys Ala His Lys Glu Gly Val Cys Gly Leu
 835 840 845
 Arg Ser Val Ser Arg Leu Glu His Gln Met Trp Glu Ala Val Lys Asp
 850 855 860
 Glu Leu Asn Thr Leu Leu Lys Glu Asn Gly Val Asp Leu Ser Val Val
 865 870 875 880
 Val Glu Lys Gln Glu Gly Met Tyr Lys Ser Ala Pro Lys Arg Leu Thr
 885 890 895
 Ala Thr Thr Glu Lys Leu Glu Ile Gly Trp Lys Ala Trp Gly Lys Ser
 900 905 910
 Ile Leu Phe Ala Pro Glu Leu Ala Asn Asn Thr Phe Val Val Asp Gly
 915 920 925
 Pro Glu Thr Lys Glu Cys Pro Thr Gln Asn Arg Ala Trp Asn Ser Leu
 930 935 940
 Glu Val Glu Asp Phe Gly Phe Gly Leu Thr Ser Thr Arg Met Phe Leu
 945 950 955 960
 Lys Val Arg Glu Ser Asn Thr Thr Glu Cys Asp Ser Lys Ile Ile Gly
 965 970 975
 Thr Ala Val Lys Asn Asn Leu Ala Ile His Ser Asp Leu Ser Tyr Trp
 980 985 990
 Ile Glu Ser Arg Leu Asn Asp Thr Trp Lys Leu Glu Arg Ala Val Leu
 995 1000 1005
 Gly Glu Val Lys Ser Cys Thr Trp Pro Glu Thr His Thr Leu Trp Gly
 1010 1015 1020
 Asp Gly Ile Leu Glu Ser Asp Leu Ile Ile Pro Val Thr Leu Ala Gly
 1025 1030 1035 1040
 Pro Arg Ser Asn His Asn Arg Arg Pro Gly Tyr Lys Thr Gln Asn Gln
 1045 1050 1055
 Gly Pro Trp Asp Glu Gly Arg Val Glu Ile Asp Phe Asp Tyr Cys Pro
 1060 1065 1070
 Gly Thr Thr Val Thr Leu Ser Glu Ser Cys Gly His Arg Gly Pro Ala
 1075 1080 1085
 Thr Arg Thr Thr Thr Glu Ser Gly Lys Leu Ile Thr Asp Trp Cys Cys
 1090 1095 1100
 Arg Ser Cys Thr Leu Pro Leu Arg Tyr Gln Thr Asp Ser Gly Cys
 1105 1110 1115 1120

Trp Tyr Gly Met Glu Ile Arg Pro Gln Arg His Asp Glu Lys Thr Leu
 1125 1130 1135
 Val Gln Ser Gln Val Asn Ala Tyr Asn Ala Asp Met Ile Asp Pro Phe
 1140 1145 1150
 Gln Leu Gly Leu Leu Val Val Phe Leu Ala Thr Gln Glu Val Leu Arg
 1155 1160 1165
 Lys Arg Trp Thr Ala Lys Ile Ser Met Pro Ala Ile Leu Ile Ala Leu
 1170 1175 1180
 Leu Val Leu Val Phe Gly Gly Ile Thr Tyr Thr Asp Val Leu Arg Tyr
 1185 1190 1195 1200
 Val Ile Leu Val Gly Ala Ala Phe Ala Glu Ser Asn Ser Gly Gly Asp
 1205 1210 1215
 Val Val His Leu Ala Leu Met Ala Thr Phe Lys Ile Gln Pro Val Phe
 1220 1225 1230
 Met Val Ala Ser Phe Leu Lys Ala Arg Trp Thr Asn Gln Glu Asn Ile
 1235 1240 1245
 Leu Leu Met Leu Ala Ala Val Phe Phe Gln Met Ala Tyr His Asp Ala
 1250 1255 1260
 Arg Gln Ile Leu Leu Trp Glu Ile Pro Asp Val Leu Asn Ser Leu Ala
 1265 1270 1275 1280
 Val Ala Trp Met Ile Leu Arg Ala Ile Thr Phe Thr Thr Thr Ser Asn
 1285 1290 1295
 Val Val Val Pro Leu Leu Ala Leu Leu Thr Pro Arg Leu Arg Cys Leu
 1300 1305 1310
 Asn Leu Asp Val Tyr Arg Ile Leu Leu Leu Met Val Gly Ile Gly Ser
 1315 1320 1325
 Leu Ile Arg Glu Lys Arg Ser Ala Ala Ala Lys Lys Lys Gly Ala Ser
 1330 1335 1340
 Leu Leu Cys Leu Ala Leu Ala Ser Thr Gly Leu Phe Asn Pro Met Ile
 1345 1350 1355 1360
 Leu Ala Ala Gly Leu Ile Ala Cys Asp Pro Asn Arg Lys Arg Gly Trp
 1365 1370 1375
 Pro Ala Thr Glu Val Met Thr Ala Val Gly Leu Met Phe Ala Ile Val
 1380 1385 1390
 Gly Gly Leu Ala Glu Leu Asp Ile Asp Ser Met Ala Ile Pro Met Thr
 1395 1400 1405
 Ile Ala Gly Leu Met Phe Ala Ala Phe Val Ile Ser Gly Lys Ser Thr
 1410 1415 1420
 Asp Met Trp Ile Glu Arg Thr Ala Asp Ile Ser Trp Glu Ser Asp Ala
 1425 1430 1435 1440

Glu Ile Thr Gly Ser Ser Glu Arg Val Asp Val Arg Leu Asp Asp Gly
 1445 1450 1455
 Glu Asn Phe Gln Leu Met Asn Asp Pro Gly Ala Pro Trp Lys Ile Trp
 1460 1465 1470
 Met Leu Arg Met Val Cys Leu Ala Ile Ser Ala Tyr Thr Pro Trp Ala
 1475 1480 1485
 Ile Leu Pro Ser Val Val Gly Phe Trp Ile Thr Leu Gln Tyr Thr Lys
 1490 1495 1500
 Arg Gly Gly Val Leu Trp Asp Thr Pro Ser Pro Lys Glu Tyr Lys Lys
 505 1510 1515 1520
 Gly Asp Thr Thr Thr Gly Val Tyr Arg Ile Met Thr Arg Gly Leu Leu
 1525 1530 1535
 Gly Ser Tyr Gln Ala Gly Ala Gly Val Met Val Glu Gly Val Phe His
 1540 1545 1550
 Thr Leu Trp His Thr Thr Lys Gly Ala Ala Leu Met Ser Gly Glu Gly
 1555 1560 1565
 Arg Leu Asp Pro Tyr Trp Gly Ser Val Lys Glu Asp Arg Leu Cys Tyr
 1570 1575 1580
 Gly Gly Pro Trp Lys Leu Gln His Lys Trp Asn Gly Gln Asp Glu Val
 585 1590 1595 1600
 Gln Met Ile Val Val Glu Pro Gly Lys Asn Val Lys Asn Val Gln Thr
 1605 1610 1615
 Lys Pro Gly Val Phe Lys Thr Pro Glu Gly Glu Ile Gly Ala Val Thr
 1620 1625 1630
 Leu Asp Phe Pro Thr Gly Thr Ser Gly Ser Pro Ile Val Asp Lys Asn
 1635 1640 1645
 Gly Asp Val Ile Gly Leu Tyr Gly Asn Gly Val Ile Met Pro Asn Gly
 1650 1655 1660
 Ser Tyr Ile Ser Ala Ile Val Gln Gly Glu Arg Met Asp Glu Pro Ile
 665 1670 1675 1680
 Pro Ala Gly Phe Glu Pro Glu Met Leu Arg Lys Lys Gln Ile Thr Val
 1685 1690 1695
 Leu Asp Leu His Pro Gly Ala Gly Lys Thr Arg Arg Ile Leu Pro Gln
 1700 1705 1710
 Ile Ile Lys Glu Ala Ile Asn Arg Arg Leu Arg Thr Ala Val Leu Ala
 1715 1720 1725
 Pro Thr Arg Val Val Ala Ala Glu Met Ala Glu Ala Leu Arg Gly Leu
 1730 1735 1740
 Pro Ile Arg Tyr Gln Thr Ser Ala Val Pro Arg Glu His Asn Gly Asn
 745 1750 1755 1760

Glu Ile Val Asp Val Met Cys His Ala Thr Leu Thr His Arg Leu Met
 1765 1770 1775
 Ser Pro His Arg Val Pro Asn Tyr Asn Leu Phe Val Met Asp Glu Ala
 1780 1785 1790
 His Phe Thr Asp Pro Ala Ser Ile Ala Ala Arg Gly Tyr Ile Ser Thr
 1795 1800 1805
 Lys Val Glu Leu Gly Glu Ala Ala Ala Ile Phe Met Thr Ala Thr Pro
 1810 1815 1820
 Pro Gly Thr Ser Asp Pro Phe Pro Glu Ser Asn Ser Pro Ile Ser Asp
 825 1830 1835 1840
 Leu Gln Thr Glu Ile Pro Asp Arg Ala Trp Asn Ser Gly Tyr Glu Trp
 1845 1850 1855
 Ile Thr Glu Tyr Thr Gly Lys Thr Val Trp Phe Val Pro Ser Val Lys
 1860 1865 1870
 Met Gly Asn Glu Ile Ala Leu Cys Leu Gln Arg Ala Gly Lys Lys Val
 1875 1880 1885
 Val Gln Leu Asn Arg Lys Ser Tyr Glu Thr Glu Tyr Pro Lys Cys Lys
 1890 1895 1900
 Asn Asp Asp Trp Asp Phe Val Ile Thr Thr Asp Ile Ser Glu Met Gly
 905 1910 1915 1920
 Ala Asn Phe Lys Ala Ser Arg Val Ile Asp Ser Arg Lys Ser Val Lys
 1925 1930 1935
 Pro Thr Ile Ile Thr Glu Gly Glu Gly Arg Val Ile Leu Gly Glu Pro
 1940 1945 1950
 Ser Ala Val Thr Ala Ala Ser Ala Ala Gln Arg Arg Gly Arg Ile Gly
 1955 1960 1965
 Arg Asn Pro Ser Gln Val Gly Asp Glu Tyr Cys Tyr Gly Gly His Thr
 1970 1975 1980
 Asn Glu Asp Asp Ser Asn Phe Ala His Trp Thr Glu Ala Arg Ile Met
 985 1990 1995 2000
 Pro Asp Asn Ile Asn Met Pro Asn Gly Leu Ile Ala Gln Phe Tyr Gln
 2005 2010 2015
 Pro Glu Arg Glu Lys Val Tyr Thr Met Glu Gly Glu Tyr Arg Leu Arg
 2020 2025 2030
 Gly Glu Glu Arg Lys Asn Phe Leu Glu Leu Leu Arg Thr Ala Asp Leu
 2035 2040 2045
 Pro Val Trp Leu Ala Tyr Lys Val Ala Ala Ala Gly Val Ser Tyr His
 2050 2055 2060
 Asp Arg Arg Trp Cys Phe Asp Gly Pro Arg Thr Asn Thr Ile Leu Glu
 065 2070 2075 2080

Asp Asn Asn Glu Val Glu Val Ile Thr Lys Leu Gly Glu Arg Lys Ile
2085 2090 2095

Leu Arg Pro Arg Trp Ile Asp Ala Arg Val Tyr Ser Asp His Gln Ala
2100 2105 2110

Leu Lys Ala Phe Lys Asp Phe Ala Ser Gly Lys Arg Ser Gln Ile Gly
2115 2120 2125

Leu Ile Glu Val Leu Gly Lys Met Pro Glu His Phe Met Gly Lys Thr
2130 2135 2140

Trp Glu Ala Leu Asp Thr Met Tyr Val Val Ala Thr Ala Glu Lys Gly
145 2150 2155 2160

Gly Arg Ala His Arg Met Ala Leu Glu Glu Leu Pro Asp Ala Leu Gln
2165 2170 2175

Thr Ile Ala Leu Ile Ala Leu Leu Ser Val Met Thr Met Gly Val Phe
2180 2185 2190

Phe Leu Leu Met Gln Arg Lys Gly Ile Gly Lys Ile Gly Leu Gly Gly
2195 2200 2205

Ala Val Leu Gly Val Ala Thr Phe Phe Cys Trp Met Ala Glu Val Pro
2210 2215 2220

Gly Thr Lys Ile Ala Gly Met Leu Leu Leu Ser Leu Leu Leu Met Ile
225 2230 2235 2240

Val Leu Ile Pro Glu Pro Glu Lys Gln Arg Ser Gln Thr Asp Asn Gln
2245 2250 2255

Leu Ala Val Phe Leu Ile Cys Val Met Thr Leu Val Ser Ala Val Ala
2260 2265 2270

Ala Asn Glu Met Gly Trp Leu Asp Lys Thr Lys Ser Asp Ile Ser Ser
2275 2280 2285

Leu Phe Gly Gln Arg Ile Glu Val Lys Glu Asn Phe Ser Met Gly Glu
2290 2295 2300

Phe Leu Leu Asp Leu Arg Pro Ala Thr Ala Trp Ser Leu Tyr Ala Val
305 2310 2315 2320

Thr Thr Ala Val Leu Thr Pro Leu Leu Lys His Leu Ile Thr Ser Asp
2325 2330 2335

Tyr Ile Asn Thr Ser Leu Thr Ser Ile Asn Val Gln Ala Ser Ala Leu
2340 2345 2350

Phe Thr Leu Ala Arg Gly Phe Pro Phe Val Asp Val Gly Val Ser Ala
2355 2360 2365

Leu Leu Leu Ala Ala Gly Cys Trp Gly Gln Val Thr Leu Thr Val Thr
2370 2375 2380

Val Thr Ala Ala Thr Leu Leu Phe Cys His Tyr Ala Tyr Met Val Pro
385 2390 2395 2400

24/29

Gly Trp Gln Ala Glu Ala Met Arg Ser Ala Gln Arg Arg Thr Ala Ala
2405 2410 2415

Gly Ile Met Lys Asn Ala Val Val Asp Gly Ile Val Ala Thr Asp Val
2420 2425 2430

Pro Glu Leu Glu Arg Thr Thr Pro Ile Met Gln Lys Lys Val Gly Gln
2435 2440 2445

Ile Met Leu Ile Leu Val Ser Leu Ala Ala Val Val Val Asn Pro Ser
2450 2455 2460

Val Lys Thr Val Arg Glu Ala Gly Ile Leu Ile Thr Ala Ala Ala Val
465 2470 2475 2480

Thr Leu Trp Glu Asn Gly Ala Ser Ser Val Trp Asn Ala Thr Thr Ala
2485 2490 2495

Ile Gly Leu Cys His Ile Met Arg Gly Gly Trp Leu Ser Cys Leu Ser
2500 2505 2510

Ile Thr Trp Thr Leu Ile Lys Asn Met Glu Lys Pro Gly Leu Lys Arg
2515 2520 2525

Gly Gly Ala Lys Gly Arg Thr Leu Gly Glu Val Trp Lys Glu Arg Leu
2530 2535 2540

Asn Gln Met Thr Lys Glu Glu Phe Thr Arg Tyr Arg Lys Glu Ala Ile
545 2550 2555 2560

Ile Glu Val Asp Arg Ser Ala Ala Lys His Ala Arg Lys Glu Gly Asn
2565 2570 2575

Val Thr Gly Gly His Ser Val Ser Arg Gly Thr Ala Lys Leu Arg Trp
2580 2585 2590

Leu Val Glu Arg Arg Phe Leu Glu Pro Val Gly Lys Val Ile Asp Leu
2595 2600 2605

Gly Cys Gly Arg Gly Gly Trp Cys Tyr Tyr Met Ala Thr Gln Lys Arg
2610 2615 2620

Val Gln Glu Val Arg Gly Tyr Thr Lys Gly Gly Pro Gly His Glu Glu
625 2630 2635 2640

Pro Gln Leu Val Gln Ser Tyr Gly Trp Asn Ile Val Thr Met Lys Ser
2645 2650 2655

Gly Val Asp Val Phe Tyr Arg Pro Ser Glu Cys Cys Asp Thr Leu Leu
2660 2665 2670

Cys Asp Ile Gly Glu Ser Ser Ser Ser Ala Glu Val Glu Glu His Arg
2675 2680 2685

Thr Ile Arg Val Leu Glu Met Val Glu Asp Trp Leu His Arg Gly Pro
2690 2695 2700

Arg Glu Phe Cys Val Lys Val Leu Cys Pro Tyr Met Pro Lys Val Ile
705 2710 2715 2720

25/29

Glu Lys Met Glu Leu Leu Gln Arg Arg Tyr Gly Gly Gly Leu Val Arg
2725 2730 2735

Asn Pro Leu Ser Arg Asn Ser Thr His Glu Met Tyr Trp Val Ser Arg
2740 2745 2750

Ala Ser Gly Asn Val Val His Ser Val Asn Met Thr Ser Gln Val Leu
2755 2760 2765

Leu Gly Arg Met Glu Lys Arg Thr Trp Lys Gly Pro Gln Tyr Glu Glu
2770 2775 2780

Asp Val Asn Leu Gly Ser Gly Thr Arg Ala Val Gly Lys Pro Leu Leu
2785 2790 2795 2800

Asn Ser Asp Thr Ser Lys Ile Asn Asn Arg Ile Glu Arg Leu Arg Arg
2805 2810 2815

Glu Tyr Ser Ser Thr Trp His His Asp Glu Asn His Pro Tyr Arg Thr
2820 2825 2830

Trp Asn Tyr His Gly Ser Tyr Asp Val Lys Pro Thr Gly Ser Ala Ser
2835 2840 2845

Ser Leu Val Asn Gly Val Val Arg Leu Leu Ser Lys Pro Trp Asp Thr
2850 2855 2860

Ile Thr Asn Val Thr Thr Met Ala Met Thr Asp Thr Thr Pro Phe Gly
2865 2870 2875 2880

Gln Gln Arg Val Phe Lys Glu Lys Val Asp Thr Lys Ala Pro Glu Pro
2885 2890 2895

Pro Glu Gly Ala Lys Tyr Val Leu Asn Glu Thr Thr Asn Trp Leu Trp
2900 2905 2910

Ala Phe Leu Ala Arg Glu Lys Arg Pro Arg Met Cys Ser Arg Glu Glu
2915 2920 2925

Phe Ile Arg Lys Val Asn Ser Asn Ala Ala Leu Gly Ala Met Phe Glu
2930 2935 2940

Glu Gln Asn Gln Trp Arg Ser Ala Arg Glu Ala Val Glu Asp Pro Lys
2945 2950 2955 2960

Phe Trp Glu Met Val Asp Glu Glu Arg Glu Ala His Leu Arg Gly Glu
2965 2970 2975

Cys His Thr Cys Ile Tyr Asn Met Met Gly Lys Arg Glu Lys Lys Pro
2980 2985 2990

Gly Glu Phe Gly Lys Ala Lys Gly Ser Arg Ala Ile Trp Phe Met Trp
2995 3000 3005

Leu Gly Ala Arg Phe Leu Glu Phe Glu Ala Leu Gly Phe Leu Asn Glu
3010 3015 3020

Asp His Trp Leu Gly Arg Lys Asn Ser Gly Gly Gly Val Glu Gly Leu
3025 3030 3035 3040

26/29

Gly Leu Gln Lys Leu Gly Tyr Ile Leu Arg Glu Val Gly Thr Arg Pro
 3045 3050 3055
 Gly Gly Lys Ile Tyr Ala Asp Asp Thr Ala Gly Trp Asp Thr Arg Ile
 3060 3065 3070
 Thr Arg Ala Asp Leu Glu Asn Glu Ala Lys Val Leu Glu Leu Leu Asp
 3075 3080 3085
 Gly Glu His Arg Arg Leu Ala Arg Ala Ile Ile Glu Leu Thr Tyr Arg
 3090 3095 3100
 His Lys Val Val Lys Val Met Arg Pro Ala Ala Asp Gly Arg Thr Val
 105 3110 3115 3120
 Met Asp Val Ile Ser Arg Glu Asp Gln Arg Gly Ser Gly Gln Val Val
 3125 3130 3135
 Thr Tyr Ala Leu Asn Thr Phe Thr Asn Leu Ala Val Gln Leu Val Arg
 3140 3145 3150
 Met Met Glu Gly Glu Gly Val Ile Gly Pro Asp Asp Val Glu Lys Leu
 3155 3160 3165
 Thr Lys Gly Lys Gly Pro Lys Val Arg Thr Trp Leu Phe Glu Asn Gly
 3170 3175 3180
 Glu Glu Arg Leu Ser Arg Met Ala Val Ser Gly Asp Asp Cys Val Val
 185 3190 3195 3200
 Lys Pro Leu Asp Asp Arg Phe Ala Thr Ser Leu His Phe Leu Asn Ala
 3205 3210 3215
 Met Ser Lys Val Arg Lys Asp Ile Gln Glu Trp Lys Pro Ser Thr Gly
 3220 3225 3230
 Trp Tyr Asp Trp Gln Gln Val Pro Phe Cys Ser Asn His Phe Thr Glu
 3235 3240 3245
 Leu Ile Met Lys Asp Gly Arg Thr Leu Val Val Pro Cys Arg Gly Gln
 3250 3255 3260
 Asp Glu Leu Val Gly Arg Ala Arg Ile Ser Pro Gly Ala Gly Trp Asn
 265 3270 3275 3280
 Val Arg Asp Thr Ala Cys Leu Ala Lys Ser Tyr Ala Gln Met Trp Leu
 3285 3290 3295
 Leu Leu Tyr Phe His Arg Arg Asp Leu Arg Leu Met Ala Asn Ala Ile
 3300 3305 3310
 Cys Ser Ala Val Pro Val Asn Trp Val Pro Thr Gly Arg Thr Thr Trp
 3315 3320 3325
 Ser Ile His Ala Gly Gly Glu Trp Met Thr Thr Glu Asp Met Leu Glu
 3330 3335 3340
 Val Trp Asn Arg Val Trp Ile Glu Glu Asn Glu Trp Met Glu Asp Lys
 345 3350 3355 3360

Thr Pro Val Glu Lys Trp Ser Asp Val Pro Tyr Ser Gly Lys Arg Glu
3365 3370 3375

Asp Ile Trp Cys Gly Ser Leu Ile Gly Thr Arg Ala Arg Ala Thr Trp
3380 3385 3390

Ala Glu Asn Ile Gln Val Ala Ile Asn Gln Val Arg Ala Ile Ile Gly
3395 3400 3405

Asp Glu Lys Tyr Val Asp Tyr Met Ser Ser Leu Lys Arg Tyr Glu Asp
3410 3415 3420

Thr Thr Leu Val Glu Asp Thr Val Leu
425 3430

<210> 3
<211> 37
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<220>
<223> Description de la séquence artificielle:AMORCE
OLIGONUCLEOTIDIQUE

<400> 3
tagcacgaag aattcgatgt ctaagaaacc aggaggg

37

<210> 4
<211> 50
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<220>
<223> Description de la séquence artificielle:AMORCE
OLIGONUCLEOTIDIQUE

<400> 4
aagtttagccc gggttaatgc tcctacgctg gcgatcaggc caatcaggac

50

<210> 5
<211> 28
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<220>
<223> Description de la séquence artificielle:amorce

<400> 5
agtagttcgc ctgtgtgagc tgacaaac

28

<210> 6
<211> 29
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<220>

<223> Description de la séquence artificielle:amorce

<400> 6

agatcctgtg ttctcgacc accagccac

29

<210> 7

<211> 21

<212> ADN

<213> Séquence artificielle

<220>

<223> Description de la séquence artificielle:amorce

<400> 7

ggatggatgctwggkagc aac

21

<210> 8

<211> 19

<212> ADN

<213> Séquence artificielle

<220>

<223> Description de la séquence artificielle:amorce

<400> 8

ccatccaagc ctccacatc

19

<210> 9

<211> 30

<212> ADN

<213> Séquence artificielle

<220>

<223> Description de la séquence artificielle:amorce

<400> 9

tggatgggat ccaatatgcg tgataggtcc

30

<210> 10

<211> 39

<212> ADN

<213> Séquence artificielle

<220>

<223> Description de la séquence artificielle:amorce

<400> 10

aaaagggtca atggtaccag cattttaagc attcacgtt

39

<210> 11

<211> 36

<212> ADN

<213> Séquence artificielle

<220>

<223> Description de la séquence artificielle:amorce

<400> 11
tagcacgaagaattcgatgtctaaaaaccaggagg

36

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

 Int. Application
 PCT/R 02/01168

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 7 C07K14/18 C07K16/10 A61K39/00

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 7 C07K

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

EPO-Internal, BIOSIS, WPI Data

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	JIA X-Y X-Y ET AL: "Genetic analysis of West Nile New York 1999 encephalitis virus" LANCET, XX, XX, vol. 354, no. 9194, 4 December 1999 (1999-12-04), pages 1971-1972, XP004262933 ISSN: 0140-6736 the whole document --- -/--	1,2,4-8, 11,14-16



Further documents are listed in the continuation of box C.



Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents:

- *A* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- *E* earlier document but published on or after the international filing date
- *L* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- *O* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- *P* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

- *T* later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
- *X* document of particular relevance: the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
- *Y* document of particular relevance: the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.
- *G* document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

22 July 2002

Date of mailing of the international search report

29/07/2002

Name and mailing address of the ISA

 European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
 NL - 2280 HV Rijswijk
 Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
 Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Panzica, G

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

 Int. Patent Application
 PCT/FR 02/01168

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	<p>LANCIOTTI R S ET AL: "Origin of the West Nile virus responsible for an outbreak of encephalitis in the northeastern United States." SCIENCE (WASHINGTON D C), vol. 286, no. 5448, 17 December 1999 (1999-12-17), pages 2333-2337, XP002191029 ISSN: 0036-8075 the whole document</p> <p>---</p>	1,2,4-8, 11,14-16
X	<p>ANDERSON JOHN F ET AL: "Isolation of West Nile virus from mosquitoes, crows, and a Cooper's hawk in Connecticut." SCIENCE (WASHINGTON D C), vol. 286, no. 5448, 17 December 1999 (1999-12-17), pages 2331-2333, XP002191030 ISSN: 0036-8075 the whole document</p> <p>---</p>	1,2,4-8, 11,14-16
A	<p>WENGLER G ET AL: "AN ANALYSIS OF THE ANTIBODY RESPONSE AGAINST WEST NILE VIRUS E PROTEIN PURIFIED BY SDS-PAGE INDICATES THAT THIS PROTEIN DOES NOT CONTAIN SEQUENTIAL EPITOPES FOR EFFICIENT INDUCTION OF NEUTRALIZING ANTIBODIES" JOURNAL OF GENERAL VIROLOGY, READING, BERKS, GB, vol. 70, no. 4, 1989, pages 987-992, XP001050460 ISSN: 0022-1317 the whole document</p> <p>---</p>	1-18
A	<p>DATABASE WPI Section Ch, Week 198505 Derwent Publications Ltd., London, GB; Class B04, AN 1985-030641 XP002191031 & SU 1 102 605 A (NIKOLAEV V P), 15 July 1984 (1984-07-15) abstract</p> <p>-----</p>	1-18

formation of present family members

PLI/rR 02/01168

Form PCT/ISA/210 (patent family annex) (July 1992)

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

D. Internationale
FUI/FR 02/01168

A. CLASSEMENT DE L'OBJET DE LA DEMANDE

CIB 7 C07K14/18 C07K16/10 A61K39/00

Selon la classification internationale des brevets (CIB) ou à la fois selon la classification nationale et la CIB

B. DOMAINES SUR LESQUELS LA RECHERCHE A PORTE

Documentation minimale consultée (système de classification suivi des symboles de classement)

CIB 7 C07K

Documentation consultée autre que la documentation minimale dans la mesure où ces documents relèvent des domaines sur lesquels a porté la recherche

Base de données électronique consultée au cours de la recherche internationale (nom de la base de données, et si réalisable, termes de recherche utilisés)

EPO-Internal, BIOSIS, WPI Data

C. DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS

Catégorie *	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
X	JIA X-Y X-Y ET AL: "Genetic analysis of West Nile New York 1999 encephalitis virus" LANCET, XX, XX, vol. 354, no. 9194, 4 décembre 1999 (1999-12-04), pages 1971-1972, XP004262933 ISSN: 0140-6736 le document en entier --- -/--	1,2,4-8, 11,14-16

☒ Voir la suite du cadre C pour la fin de la liste des documents

☐ Les documents de familles de brevets sont indiqués en annexe

* Catégories spéciales de documents cités:

- *A* document définissant l'état général de la technique, non considéré comme particulièrement pertinent
- *E* document antérieur, mais publié à la date de dépôt international ou après cette date
- *L* document pouvant jeter un doute sur une revendication de priorité ou cité pour déterminer la date de publication d'une autre citation ou pour une raison spéciale (telle qu'indiquée)
- *O* document se référant à une divulgation orale, à un usage, à une exposition ou tous autres moyens
- *P* document publié avant la date de dépôt international, mais postérieurement à la date de priorité revendiquée

- *T* document ultérieur publié après la date de dépôt international ou la date de priorité et n'appartenant pas à l'état de la technique pertinent, mais cité pour comprendre le principe ou la théorie constituant la base de l'invention
- *X* document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme nouvelle ou comme impliquant une activité inventive par rapport au document considéré isolément
- *Y* document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme impliquant une activité inventive lorsque le document est associé à un ou plusieurs autres documents de même nature, cette combinaison étant évidente pour une personne du métier
- *&* document qui fait partie de la même famille de brevets

Date à laquelle la recherche internationale a été effectivement achevée

22 juillet 2002

Date d'expédition du présent rapport de recherche internationale

29/07/2002

Nom et adresse postale de l'administration chargée de la recherche internationale

Office Européen des Brevets, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Fonctionnaire autorisé

Panzica, G

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

De Internationale
PCT/FR 02/01168

C.(suite) DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS		
Catégorie	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
X	<p>LANCIOTTI R S ET AL: "Origin of the West Nile virus responsible for an outbreak of encephalitis in the northeastern United States." SCIENCE (WASHINGTON D C), vol. 286, no. 5448, 17 décembre 1999 (1999-12-17), pages 2333-2337, XP002191029 ISSN: 0036-8075 le document en entier</p> <p style="text-align: center;">---</p>	1,2,4-8, 11,14-16
X	<p>ANDERSON JOHN F ET AL: "Isolation of West Nile virus from mosquitoes, crows, and a Cooper's hawk in Connecticut." SCIENCE (WASHINGTON D C), vol. 286, no. 5448, 17 décembre 1999 (1999-12-17), pages 2331-2333, XP002191030 ISSN: 0036-8075 le document en entier</p> <p style="text-align: center;">---</p>	1,2,4-8, 11,14-16
A	<p>WENGLER G ET AL: "AN ANALYSIS OF THE ANTIBODY RESPONSE AGAINST WEST NILE VIRUS E PROTEIN PURIFIED BY SDS-PAGE INDICATES THAT THIS PROTEIN DOES NOT CONTAIN SEQUENTIAL EPITOPES FOR EFFICIENT INDUCTION OF NEUTRALIZING ANTIBODIES" JOURNAL OF GENERAL VIROLOGY, READING, BERKS, GB, vol. 70, no. 4, 1989, pages 987-992, XP001050460 ISSN: 0022-1317 le document en entier</p> <p style="text-align: center;">---</p>	1-18
A	<p>DATABASE WPI Section Ch, Week 198505 Derwent Publications Ltd., London, GB; Class B04, AN 1985-030641 XP002191031 & SU 1 102 605 A (NIKOLAEV V P), 15 juillet 1984 (1984-07-15) abrégé</p> <p style="text-align: center;">-----</p>	1-18

De e Internationale
P.C., FR 02/01168

Document brevet cité au rapport de recherche	Date de publication	Membre(s) de la famille de brevet(s)	Date de publication
SU 1102605 A	15-07-1984	SU 1102605 A1	15-07-1984